

PCT

WELTOORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM

Internationales Büro

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESEN

(51) Internationale Patentklassifikation 6 :

C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N
1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79,
C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17,
48/00

A2

(11) Internationale Veröffentlichungsnummer:

(21) Internationales Aktenzeichen:

PCT/DE99/00721

(22) Internationales Anmeldedatum:

9. März 1999 (09.03.99)

(30) Prioritätsdaten:
198 11 193.2

10. März 1998 (10.03.98)

DE

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-
GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG
MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE];
Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN,
Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE).
SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II,
D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE];
Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld (DE).
DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6,
D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE];
Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).

(11) Internationale Veröffentlichungsnummer:

(43) Internationales
Veröffentlichungsdatum:

16. September 1999

(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT,
CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, NL,
PT, SE).

Veröffentlicht

Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu
veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM PROSTATE TUMOUR TISSUE

(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PROSTATATUMORGEWEBE

(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA; genomic sequences – from prostate tumour tissue which code for gene products or parts thereof, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtainable by way of said sequences and to their use.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Gewebe von Prostataumoren, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Prostatatumorgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen -mRNA, cDNA, 5 genomicische Sequenzen- aus Gewebe von Prostatatumoren, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

10 Eine weit verbreitete Krebsart ist der Prostatakrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, die auf einer Blockierung von Hormonwirkungen beruhen, sind sehr häufig nach wenigen Jahren wirkungslos, da der Tumor hormonunabhängig wird, d. h. ohne Hormonwirkung weiterwächst und Metastasen bildet.

15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer 20 Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen 25 Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

30 Für die Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen, d.h. Genen, die als Ursache für oder als Folge von bösartigen Entartungen normalen, menschlichen Gewebes angesehen werden können, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. 35 kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die 40 Tumorentstehung und -prolifertion wichtig sind (s. Fig. 1). Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. 45 Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 - 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6, 7, 10, 12, 13, 15, 17-24, 26, 27, 29, 31-34, 36, 37, 39, 40, 44-53; 142, 144-164 gefunden werden, die als Kandidatengene bei Prostatakrebs eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164,
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3-53; 142, 144-164, die in Prostatatumorgewebe erhöht exprimiert sind

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 2000 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 1700 bp auf.

5 Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 können gemäß gängiger

Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen

10 zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

15 In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, φX174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a,

20 pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda PR, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

30 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

35 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

40 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung-erhältlichen Gen-Fragmente.

45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

5 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

10 Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

15 Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199.

20 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 aufweisen.

25 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 kodiert werden.

30 Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die Erfindung betrifft auch Phage-Display Proteine, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 kodiert werden.

35 Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostatakrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

40 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch 10 genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs 15 der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34; 36, 39, 44-53; 142, 144-164, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden 20 genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende 25 Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

30 Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der voliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
5 ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
10 Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
15 N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren
20	

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

30 Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
35 Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
40 Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
45 Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

- 10 Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembled. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembled. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet (s. Fig. 2a und 2 b1-2b4).
- 20 Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembled. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembled. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembled. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.
- 25
- 30

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Prostata-Tumor ESTs.

- 35 Die so assembleden Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (s. Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.) Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet.
- 40

- 45 Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen

ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

5

Beispiel 2

10 **Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster**

15 Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

20 Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

35 Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde das EST der Sequenz Seq. ID No. 36 gefunden, das 5x stärker in Prostatatumorgewebe als in entsprechendem Normalgewebe vorkommt.
Die mögliche Funktion dieses Génbereiches betrifft die Glutamat-bindende Untereinheit des NMDA-Rezeptors.

40 Das Ergebnis ist wie folgt:

		NORMAL %Häufigkeit	TUMOR %Häufigkeit	Verhältnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0465	0.0204	2.2731	0.4399
	Brust	0.0373	0.0283	1.3172	0.7592
	Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557
	Endokrines- Gewebe	0.0292	0.0163	1.7861	0.5599
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0286	0.1357	7.3686
	Gehirn	0.0195	0.0350	0.5564	1.7973
	Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0064	0.0137	0.4624	2.1624
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0324	0.0142	2.2824	0.4381
	Magen-	0.0097	0.0307	0.3150	3.1748
	Speiseröhre				
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0059	0.0274	0.2171	4.6066
	Pankreas	0.0076	0.0166	0.4571	2.1876
	Penis	0.0150	0.0800	0.1872	5.3424
	Prostata	0.0071	0.0341	0.2097	4.7677
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Dünndarm	0.0062			
	Prostata- Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse-Blutkörper- chen	0.0131			
35			FOETUS %Häufigkeit		
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
40	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0124			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Häufigkeit

5	Brust	0.0748
	Eierstock-Uterus	0.0388
	Endokrines-Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
10	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0131
	Prostata	0.0256
15	Sinnesorgane	0.0077

2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde das EST der Sequenz Seq. ID No. 39 gefunden, das 4,5x stärker in Prostatatumorgewebe als in entsprechendem Normalgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft die Protein-Steuerung (Protein-Traffiking) im Endoplasmatischen Retikulum (ER).

Das Ergebnis ist wie folgt:

10

	NORMAL %Häufigkeit	TUMOR %Häufigkeit	Verhältnisse N/T	T/N
15				
Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
Brust	0.0067	0.0022	3.0579	0.3270
Eierstock	0.0091	0.0026	3.5059	0.2852
Endokrines-	0.0036	0.0054	0.66981	1.4930
20				
Gewebe				
Gastrointestinal	0.0058	0.0095	0.6107	1.6375
Gehirn	0.0034	0.0033	1.0321	0.9689
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
25				
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0062	0.0047	1.3168	0.7594
Magen-	0.0193	0.0000	undef	0.0000
30				
Speiseröhre				
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
35				
Prostata	0.0024	0.0106	0.2237	4.4697
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Dünndarm	0.0093			
Prostata-	0.0089			
40				
Hyperplasie				
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weiße-	0.0026			
Blutkörperchen				

45

FOETUS
%Häufigkeit

5	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefäß	0.0000
	Lunge	0.0074
10	Niere	0.0247
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

15 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Häufigkeit

20	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0091
	Endokrines-Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
25	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0078
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0128
30	Sinnesorgane	0.0000

2.1.4

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde das EST der Sequenz Seq. ID No. 40 gefunden, das 8x stärker in Prostatatumorgewebe als in entsprechendem Normalgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft die Regulation der Protein-Kinase.

Das Ergebnis ist wie folgt:

10

15

20

25

30

35

40

45

	NORMAL %Häufigkeit	TUMOR %Häufigkeit	Verhältnisse N/T	Verhältnisse T/N
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust	0.0120	0.0763	0.1573	6.3588
Eierstock	0.0608	0.0234	2.5969	0.3851
Endokrines-	0.0073	0.0245	0.2977	3.3593
Gewebe				
Gastrointestinal	0.0872	0.1000	0.8724	1.1462
Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0149	0.0388	0.3826	2.6139
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0050	0.0355	0.1405	7.1196
Magen-	0.0000	0.0230	0.0000	undef
Speiseröhre				
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0119	0.0958	0.1243	8.0455
Uterus	0.0017	0.0214	0.0774	12.9263
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0436			
Prostata	0.0119			
-Hyperplasie				
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0470			
Weisse-	0.0009			
Blutkörperchen				

FOETUS
%Häufigkeit

	Entwicklung	0.0000
5	Gastrointenstinal	0.0247
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0000
10	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

15

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Häufigkeit

	Brust	0.0000
20	Eierstock-Uterus	0.0205
	Endokrines-Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0000
25	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0321
30	Sinnesorgane	0.0000

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 3

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0046	0.0128	0.3637 2.7495
	Brust 0.0293	0.0087	3.3637 0.2973
10	Eierstock 0.0122	0.0416	0.2922 3.4228
	Endokrines_Gewebe 0.0201	0.0245	0.8186 1.2216
	Gastrointestinal 0.0252	0.0571	0.4411 2.2673
	Gehirn 0.0161	0.0131	1.2257 0.8159
15	Haematopoetisch 0.0084	0.1135	0.0739 13.5274
	Haut 0.0099	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0388	0.0000 undef
	Herz 0.0180	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0122	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0162	0.0189	0.8559 1.1683
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0149	0.0342	0.4342 2.3033
	Pankreas 0.0265	0.0276	0.9599 1.0417
	Penis 0.0180	0.0267	0.6739 1.4840
25	Prostata 0.0048	0.0149	0.3196 3.1288
	Uterus 0.0066	0.0142	0.4642 2.1544
	Brust-Hyperplasie 0.0291		
	Duenndarm 0.0093		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
30	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0148		
35	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0307		
	Gastrointestinal 0.0062		
	Gehirn 0.0375		
40	Haematopoetisch 0.0079		
	Herz-Blutgefaesse 0.0164		
	Lunge 0.0037		
	Niere 0.0062		
	Prostata 0.0499		
45	Sinnesorgane 0.0000		
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit		
50	Brust 0.0136		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0064		
	Gastrointestinal 0.0244		
55	Haematopoetisch 0.0114		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0328		
	Nerven 0.0120		
60	Prostata 0.0064		
	Sinnesorgane 0.0000		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 4

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0046	0.0153	0.3031 3.2995
	Brust 0.0027	0.0044	0.6116 1.6351
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1686 0.8557
10	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0082	0.2233 4.4791
	Gastrointestinal 0.0000	0.0048	0.0000 undef
	Gehirn 0.0000	0.0099	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0070	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0037	0.0024	1.5801 0.6329
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0120	0.2855 3.5025
20	Niere 0.0059	0.0068	0.8683 1.1517
	Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428 2.9168
	Penis 0.0000	0.0267	0.0000 undef
	Prostata 0.0048	0.0192	0.2486 4.0228
	Uterus 0.0083	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0267		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
40	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0068
50	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
55	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0040
	Prostata 0.0256
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase 0.0046	0.0026	1.8185	0.5499
	Brust 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0078	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal 0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0077	2.5198	0.3968
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0024	0.0170	0.1398	7.1516
	Uterus 0.0066	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
40	Lunge 0.0000
	Niere 0.0124
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0023
50	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
55	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0064
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 7

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Brust 0.0027	0.0109	0.2446 4.0878
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0027	1.3396 0.7465
	Gastrointestinal 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0008	0.0011	0.7741 1.2918
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0099	0.0129	0.7651 1.3069
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0012	0.0000	undef 0.0000
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428 2.9168
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
25	Prostata 0.0000	0.0064	0.0000 undef
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0062		
	Gehirn 0.0063		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0041		
40	Lunge 0.0037		
	Niere 0.0124		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
50	Eierstock-Uterus 0.0023		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0029		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0228		
	Haut-Muskel 0.0000		
55	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0010		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0093	0.0051	1.8185 0.5499
	Brust 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal 0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0076	0.0066	1.1612 0.8612
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0011	0.0275	0.0385 25.9489
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0047	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0030	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas 0.0038	0.0055	0.6857 1.4584
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0048	0.0106	0.4475 2.2349
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
25	Duenn darm 0.0156		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
30			
		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
		Entwicklung 0.0000	
35		Gastrointestinal 0.0031	
		Gehirn 0.0000	
		Haematopoetisch 0.0000	
		Herz-Blutgefaesse 0.0000	
		Lunge 0.0000	
40		Niere 0.0000	
		Prostata 0.0000	
		Sinnesorgane 0.0000	
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
			%Haeufigkeit
			Brust 0.0000
			Eierstock-Uterus 0.0160
			Endokrines_Gewebe 0.0000
50			Foetal 0.0058
			Gastrointestinal 0.0000
			Haematopoetisch 0.0114
			Haut-Muskel 0.0000
			Hoden 0.0000
			Lunge 0.0000
55			Nerven 0.0060
			Prostata 0.0000
			Sinnesorgane 0.0155
60			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0046	0.0128	0.3637 2.7495
	Brust 0.0080	0.0022	3.6695 0.2725
	Eierstock 0.0061	0.0026	2.3372 0.4279
	Endokrines Gewebe 0.0036	0.0082	0.4465 2.2395
	Gastrointestinal 0.0058	0.0048	1.2214 0.8187
10	Gehirn 0.0025	0.0077	0.3318 3.0142
	Haematopoetisch 0.0084	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0042	0.0137	0.3083 3.2436
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0050	0.0071	0.7023 1.4239
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0077	1.2599 0.7937
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0300	0.0571 17.5127
	Niere 0.0059	0.0068	0.8683 1.1517
20	Pankreas 0.0057	0.0055	1.0285 0.9723
	Penis 0.0000	0.0267	0.0000 undef
	Prostata 0.0024	0.0170	0.1398 7.1516
	Uterus 0.0066	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
25	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenblase 0.0267		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0031
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0041
	Lunge 0.0000
40	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0068
	Endokrines_Gewebe 0.0245
50	Foetal 0.0035
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
55	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0070
	Prostata 0.0256
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust 0.0200	0.0240	0.8340 1.1991
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0146	0.0191	0.7655 1.3064
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0008	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0012	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseröhre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0089	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0064	0.0000 undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
25	Duenn darm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkörperchen 0.0017		
30			
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
35	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
40	Niere 0.0124		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0419		
45			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0068		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0175		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
55	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 15

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0046	0.0128	0.3637 2.7495
	Brust 0.0027	0.0087	0.3058 3.2702
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0245	0.2977 3.3593
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0048	0.4071 2.4562
	Gehirn 0.0127	0.0208	0.6111 1.6363
	Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz 0.0127	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0061	0.0234	0.2612 3.8288
	Lunge 0.0112	0.0047	2.3702 0.4219
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0238	0.0068	3.4733 0.2879
20	Pankreas 0.0095	0.0055	1.7142 0.5834
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0071	0.0277	0.2581 3.8738
	Uterus 0.0017	0.0071	0.2321 4.3088
25	Brust-Hyperplasie 0.0145		
	Duenndarm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0178		
	Samenblase 0.0356		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0079
	Herz-Blutgefaesse 0.0041
	Lunge 0.0111
40	Niere 0.0185
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0068
	Eierstock-Uterus 0.0205
	Endokrines_Gewebe 0.0490
50	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0130
	Hoden 0.0156
55	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0020
	Prostata 0.0128
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL % Häufigkeit	TUMOR % Häufigkeit	Verhältnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000 undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000 undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000 undef	undef
	Endokrines Gewebe 0.0000	0.0000 undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000 undef	undef
10	Gehirn 0.0000	0.0011 0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000 undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000 undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000 undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000 undef	undef
15	Hoden 0.0000	0.0000 undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000 undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000 undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000 undef	undef
	Niere 0.0030	0.0000 undef 0.0000	
20	Pankreas 0.0000	0.0000 undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000 undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0064 0.0000	undef
	Uterus 0.0000	0.0000 undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
25	Duenn darm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Sämenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse Blutkoerperchen 0.0017		

	FOETUS % Häufigkeit
	Entwicklung 0.0000
35	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0079
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
40	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN % Häufigkeit
	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0023
	Endokrines_Gewebe 0.0000
50	Foetal 0.0006
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0000
55	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0040
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0077

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden 0.0183	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0085	0.0000 undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
25	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
35	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
40	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
50	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0156		
55	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0022	0.0000 undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gehirn 0.0008	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0064	0.0000 undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
40	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
50	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
55	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0046	0.0102	0.4546 2.1996
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0091	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0054	0.6698 1:4930
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0048	0.0000 undef
	Gehirn 0.0017	0.0044	0.3871 2.5836
	Haematopoetisch 0.0070	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0050	0.0024	2.1069 0.4746
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0089	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0043	0.0000 undef
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0073		
25	Duenndarm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035		
30			
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
35	Gastrointestinal 0.0062		
	Gehirn 0.0125		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0037		
40	Niere 0.0124		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0204		
	Eierstock-Uterus 0.0068		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
50	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
55	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0040		
	Prostata 0.0192		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0043	0.0000 undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
25	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
35	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
40	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
50	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
55	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 22

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0011	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
25	Prostata 0.0000	0.0064	0.0000 undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
50	Eierstock-Uterus 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0017		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0057		
55	Haut-Muskel 0.0032		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
60	Sinnesorgane 0.0000		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0149	0.0000 undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
35	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
40	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
50	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
55	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 24

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5843 1.7114
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0011	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0122	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0149	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0048	0.0106	0.4475 2.2349
	Uterus 0.0017	0.0071	0.2321 4.3088
25	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0154
	Gastrointestinal 0.0031
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0037
40	Niere 0.0062
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0068
	Eierstock-Uterus 0.0046
	Endokrines_Gewebe 0.0000
50	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0078
55	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0128
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 26

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
25	Prostata 0.0000	0.0064	0.0000 undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
30	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	 FOETUS- %Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
40	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
50	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
55	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000 undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0064	0.0000 undef
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
25	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
35	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
40	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
50	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
55	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0192		
	Sinnesorgane 0.0000		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0027	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0012	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0106	0.0000 undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
25	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
35	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
40	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
50	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
55	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0046	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0027	0.0044	0.6116 1.6351
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0027	0.6698 1.4930
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0042	0.0088	0.4838 2.0669
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0021	0.0137	0.1541 6.4872
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0012	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0120	0.0000 undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000 undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0128	0.0000 undef
	Uterus 0.0017	0.0071	0.2321 4.3088
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
		FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung 0.0154		
35	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0157		
	Herz-Blutgefaesse 0.0041		
	Lunge 0.0000		
40	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0249		
	Sinnesorgane 0.0000		
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust 0.0068		
	Eierstock-Uterus 0.0091		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
50	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
55	Nerven 0.0060		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0078	0.3895 2.5671
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0027	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0017	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0064	0.0000 undef
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
40	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0000
50	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0000
55	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0050
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 34

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust 0.0067	0.0065	1.0193 0.9811
	Eierstock 0.0122	0.0052	2.3372 0.4279
	Endokrines Gewebe 0.0073	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0019	0.0048	0.4071 2.4562
10	Gehirn 0.0102	0.0033	3.0964 0.3230
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0050	0.0065	0.7651 1.3069
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0153	0.6300 1.5874
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0060	1.4275 0.7005
	Niere 0.0030	0.0137	0.2171 4.6066
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0128	0.0000 undef
	Uterus 0.0033	0.0142	0.2321 4.3088
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
25	Duenndarm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		

	FOETUS %Haeufigkeit
30	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0062
	Gehirn 0.0563
	Haematopoetisch 0.0118
	Herz-Blutgefaesse 0.0082
	Lunge 0.0111
40	Niere 0.0124
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0544
	Eierstock-Uterus 0.0091
	Endokrines_Gewebe 0.0979
50	Foetal 0.0058
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0097
	Hoden 0.0000
55	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0161
	Prostata 0.0064
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	N/T	Verhaeltnisse T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0025	0.0011	2.3223	0.4306
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0024	0.0128	0.1864	5.3637
	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	FOETUS %Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0154			
	Gastrointenstinal 0.0031			
	Gehirn 0.0063			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
40	Lunge 0.0037			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0140			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
50	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0076			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0097			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0030			
	Prostata 0.0064			
60	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 44

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0128	0.0000 undef
	Brust 0.0013	0.0044	0.3058 3.2702
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5843 1.7114
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0054	0.3349 2.9861
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0033	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0378	0.0000 undef
	Haut 0.0050	0.1693	0.0294 34.0525
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0064	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
	Lunge 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0089	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0024	0.0128	0.1864 5.3637
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
25	Duenndarm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Herz-Blutgefaesse 0.0041
	Lunge 0.0037
40	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
50	Foetal 0.0041
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
55	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0064
	Sinnesorgane 0.0000

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 45

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0179	0.0000 undef
	Brust 0.0013	0.0044	0.3058 3.2702
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1686 0.8557
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0022	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0012	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000 undef
20	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0024	0.0447	0.0533 18.7729
	Uterus 0.0000	0.0071	0.0000 undef
25	Brust-Hyperplasie 0.0109		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0037
40	Niere 0.0062
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
50	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
55	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0064
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 46

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0053	0.0153	0.3495 2.8614
	Eierstock 0.0091	0.0182	0.5008 1.9967
	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0191	0.2870 3.4837
	Gastrointestinal 0.0252	0.0238	1.0585 0.9447
10	Gehirn 0.0068	0.0153	0.4423 2.2607
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0099	0.0065	1.5303 0.6535
	Herz 0.0000	0.0412	0.0000 undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0025	0.0095	0.2634 3.7971
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0060	1.7130 0.5838
	Niere 0.0059	0.0068	0.8683 1.1517
20	Pankreas 0.0038	0.0221	0.1714 5.8337
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0262	0.0532	0.4922 2.0317
	Uterus 0.0033	0.0142	0.2321 4.3088
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
25	Duenndarm 0.0125		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		

	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0154
35	Gastrointestinal 0.0031
	Gehirn 0.0125
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0041
	Lunge 0.0000
40	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0136
	Eierstock-Uterus 0.0137
	Endokrines_Gewebe 0.0000
50	Foetal 0.0070
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0097
	Hoden 0.0000
55	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0110
	Prostata 0.0321
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0046	0.0051	0.9092 1.0998
	Brust 0.0080	0.0087	0.9174 1.0901
	Eierstock 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0054	1.3396 0.7465
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0051	0.0088	0.5806 1.7224
	Haematopoetisch 0.0070	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0062	0.0024	2.6336 0.3797
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0059	0.0068	0.8683 1.1517
20	Pankreas 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0048	0.0128	0.3729 2.6818
	Uterus 0.0083	0.0071	1.1604 0.8618
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
25	Duenndarm 0.0125		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0031
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0041
	Lunge 0.0037
40	Niere 0.0185
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0068
	Endokrines_Gewebe 0.0000
50	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
55	Lunge 0.0328
	Nerven 0.0080
	Prostata 0.0064
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 48

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Brust 0.0040	0.0044	0.9174 1.0901
	Eierstock 0.0000	0.0104	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0095	0.2036 4.9124
	Gehirn 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0194	0.0000 undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0012	0.0047	0.2634 3.7971
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0077	1.2599 0.7937
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0059	0.0068	0.8683 1.1517
20	Pankreas 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0000	0.0267	0.0000 undef
	Prostata 0.0048	0.0298	0.1598 6.2576
	Uterus 0.0033	0.0071	0.4642 2.1544
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0238		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0154
	Gastrointenstinal 0.0154
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0041
	Lunge 0.0111
40	Niere 0.0000
	Prostata 0.0499
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0160
	Endokrines_Gewebe 0.0000
50	Foetal 0.0041
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
55	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0128
	Sinnesorgane 0.0155

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0067	0.0065	1.0193 0.9811
	Eierstock 0.0061	0.0052	1.1686 0.8557
	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0027	2.0093 0.4977
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0048	0.4071 2.4562
	Gehirn 0.0008	0.0044	0.1935 5.1673
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0099	0.0000	undef 0.0000
15	Herz 0.0064	0.0275	0.2312 4.3248
	Hoden 0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
	Lunge 0.0087	0.0071	1.2290 0.8137
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0077	1.2599 0.7937
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0060	1.4275 0.7005
20	Niere 0.0059	0.0068	0.8683 1.1517
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0533	0.0000 undef
	Prostata 0.0024	0.0170	0.1398 7.1516
	Uterus 0.0066	0.0142	0.4642 2.1544
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0062		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0092		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0118		
	Herz-Blutgefaesse 0.0204		
40	Lunge 0.0185		
	Niere 0.0247		
	Prostata 0.0249		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0136		
	Eierstock-Uterus 0.0023		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
50	Foetal 0.0111		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0194		
	Hoden 0.0000		
55	Lunge 0.0328		
	Nerven 0.0020		
	Prostata 0.0064		
	Sinnesorgane 0.0000		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 50

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0024	0.0255	0.0932 10.7274
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
25	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
35	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
40	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
50	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
55	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			
65			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 51

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust 0.0000	0.0022	0.0000 undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0008	0.0033	0.2580 3.8754
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0267	0.0000 undef
	Prostata 0.0048	0.0192	0.2486 4.0228
	Uterus 0.0017	0.0142	0.1160 8.6176
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0031
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
40	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0000
50	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
55	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0128
60	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 52

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0046	0.0077	0.6062 1.6497
	Brust 0.0027	0.0022	1.2232 0.8176
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1686 0.8557
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0076	0.0022	3.4835 0.2871
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0071	0.0000 undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5710 1.7513
	Niere 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
25	Prostata 0.0048	0.0149	0.3196 3.1288
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
30	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0062		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
35	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0062
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
40	Herz-Blutgefaesse 0.0041
	Lunge 0.0037
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0068
	Eierstock-Uterus 0.0023
50	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
55	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0070
	Prostata 0.0064
60	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0093	0.0128	0.7274 1.3748
	Brust 0.0053	0.0022	2.4463 0.4088
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1686 0.8557
	Endokrines_Gewebe 0.0109	0.0082	1.3396 0.7465
10	Gastrointestinal 0.0039	0.0048	0.8143 1.2281
	Gehirn 0.0042	0.0153	0.2765 3.6171
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0064	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
	Lunge 0.0075	0.0024	3.1603 0.3164
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0153	1.2599 0.7937
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0137	0.0000 undef
20	Pankreas 0.0057	0.0110	0.5143 1.9446
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0048	0.0106	0.4475 2.2349
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0145		
25	Duenndarm 0.0062		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044		

	FOETUS %Haeufigkeit
30	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0123
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0123
	Lunge 0.0037
40	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0136
	Eierstock-Uterus 0.0160
	Endokrines_Gewebe 0.0000
50	Foetal 0.0140
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0130
	Hoden 0.0156
55	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0090
	Prostata 0.0128
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 142

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0093	0.0026	3.6370 0.2750
	Brust 0.0067	0.0131	0.5096 1.9621
	Eierstock 0.0122	0.0130	0.9349 1.0696
	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0027	1.3396 0.7465
	Gastrointestinal 0.0058	0.0048	1.2214 0.8187
10	Gehirn 0.0161	0.0044	3.6770 0.2720
	Haematopoetisch 0.0056	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0099	0.0065	1.5303 0.6535
	Herz 0.0117	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0075	0.0189	0.3950 2.5314
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0060	1.1420 0.8756
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000 undef
20	Pankreas 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0000	0.0267	0.0000 undef
	Prostata 0.0024	0.0085	0.2797 3.5758
	Uterus 0.0033	0.0142	0.2321 4.3088
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
25	Duenndarm 0.0125		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		

	FOETUS %Haeufigkeit
30	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0092
	Gehirn 0.0125
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0041
	Lunge 0.0148
40	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0140

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0023
	Endokrines_Gewebe 0.0000
50	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
55	Lunge 0.0410
	Nerven 0.0090
	Prostata 0.0192
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 144

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0039	0.0141	0.2766 3.6156
	Brust 0.0062	0.0056	1.0959 0.9125
	Dickdarm 0.0057	0.0028	2.0184 0.4955
	Duenndarm 0.0000	0.0107	0.0000 undef
10	Eierstock 0.0059	0.0024	2.4887 0.4018
	Endokrines_Gewebe 0.0016	0.0142	0.1132 8.8363
	Gehirn 0.0023	0.0140	0.1658 6.0318
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0063	0.0000 undef
	Herz 0.0061	0.0137	0.4430 2.2572
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0029	0.0074	0.3947 2.5338
	Magen-Speiseroehre 0.0145	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0185	0.0928 10.7785
20	Niere 0.0067	0.0048	1.3927 0.7180
	Pankreas 0.0083	0.0055	1.4958 0.6685
	Prostata 0.0066	0.0143	0.4604 2.1719
	T_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus 0.0103	0.0138	0.7497 1.3339
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0040		
	Penis 0.0000		
	Samenblase 0.0211		
	Sinnesorgane 0.0000		
30			

	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
35	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0303
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0354
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0029
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden_n 0.0128
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0131
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0225
	Prostata_n 0.0182
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 145

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse. N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0390	0.1151	0.3387 2.9527
	Brust 0.0132	0.0014	9.3932 0.1065
	Dickdarm 0.0498	0.0114	4.3731 0.2287
	Duenndarm 0.0165	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock 0.0000	0.0072	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0016	0.0124	0.1293 7.7318
	Gehirn 0.0278	0.0150	1.8568 0.5386
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0127	0.0000 undef
15	Herz 0.0000	0.0550	0.0000 undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0156	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0145	0.0064	2.2671 0.4411
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0074	0.2319 4.3114
20	Niere 0.0067	0.0048	1.3927 0.7180
	Pankreas 0.0248	0.0552	0.4487 2.2285
	Prostata 0.0349	0.0638	0.5463 1.8304
	T_Lymphom 0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0089	0.0000	undef 0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0157	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0080		
	Penis 0.0027		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
30	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
35	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0182
40	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
50	Eierstock_t 0.0203
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0257
55	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden_n 0.0000
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
60	Nerven 0.0010
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0090
	Prostata_n 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 146

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0075	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0078	0.0094	0.8297 1.2052
	Brust 0.0044	0.0042	1.0437 0.9581
	Dickdarm 0.0038	0.0000	undef 0.0000
10	Duenndarm 0.0165	0.0213	0.7730 1.2937
	Eierstock 0.0030	0.0048	0.6222 1.6073
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0018	0.0000 undef
	Gehirn 0.0081	0.0070	1.1605 0.8617
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0093	0.0063	1.4649 0.6826
	Herz 0.0030	0.0275	0.1108 9.0287
	Hoden 0.0040	0.0059	0.6786 1.4737
	Lunge 0.0000	0.0037	0.0000 undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0050	0.0055	0.8975 1.1142
	Prostata 0.0047	0.0091	0.5168 1.9350
25	T_Lymphom 0.0051	0.0075	0.6762 1.4788
	Uterus 0.0015	0.0046	0.3213 3.1125
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0027	0.0000	undef 0.0000
30	Haematopoetisch 0.0053		
	Penis 0.0054		
	Samenblase 0.0070		
	Sinnesorgane 0.0118		
	FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0139		
	Gastrointestinal 0.0028		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
40	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0061		
45	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
50	Brust 0.0000		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
55	Eierstock_t 0.0253		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0064		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0257		
60	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden_n 0.0084		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0195		
	Lunge_t 0.0000		
65	Nerven 0.0070		
	Niere_t 0.0000		
	Ovar_Uterus 0.0158		
	Prostata_n 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0155		
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 147

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0039	0.0141	0.2766 3.6156
	Brust 0.0062	0.0028	2.1917 0.4563
	Dickdarm 0.0057	0.0028	2.0184 0.4955
	Duenndarm 0.0000	0.0107	0.0000 undef
10	Eierstock 0.0059	0.0024	2.4887 0.4018
	Endokrines_Gewebe 0.0016	0.0106	0.1509 6.6272
	Gehirn 0.0046	0.0080	0.5803 1.7234
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0041	0.0137	0.2954 3.3858
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0039	0.0055	0.7016 1.4253
	Magen-Speiseroehte 0.0145	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0185	0.0928 10.7785
20	Niere 0.0045	0.0048	0.9285 1.0770
	Pankreas 0.0066	0.0055	1.1966 0.8357
	Prostata 0.0057	0.0130	0.4341 2.3036
	T_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus 0.0074	0.0046	1.6064 0.6225
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0040		
	Penis 0.0000		
	Samenblase 0.0211		
	Sinnesorgane 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
30	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0121
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0304
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0046
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden_n 0.0209
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0141
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0203
	Prostata_n 0.0182
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 148

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0125	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0039	0.0141	0.2766 3.6156
	Brust 0.0079	0.0141	0.5636 1.7743
	Dickdarm 0.0038	0.0057	0.6728 1.4864
	Duenndarm 0.0027	0.0107	0.2577 3.8812
10	Eierstock 0.0000	0.0095	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0161	0.0231	0.6964 1.4359
	Gehirn 0.0156	0.0229	0.6812 1.4681
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0190	0.0000 undef
	Herz 0.0132	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0080	0.0118	0.6786 1.4737
	Lunge 0.0097	0.0055	1.7540 0.5701
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0064	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0246	0.0048	5.1067 0.1958
	Pankreas 0.0116	0.0055	2.0941 0.4775
	Prostata 0.0104	0.0221	0.4682 2.1360
	T_Lymphom 0.0152	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0089	0.0092	0.9638 1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0107		
	Penis 0.0054		
	Samenblase 0.0493		
	Sinnesorgane 0.0000		
30			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0125
	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0108
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0309
	Placenta 0.0000
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0557
	Endokrines_Gewebe 0.0735
	Foetal 0.0023
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0130
	Hoden_n 0.0125
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0020
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0248
	Prostata_n 0.0121
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 149

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0042	0.0000 undef
	Dickdarm 0.0000	0.0028	0.0000 undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
10	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000 undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0045	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0019	0.0039	0.4823 2.0732
	T_Lymphom 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000		
	Penis 0.0000		
	Samenblasé 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefæsse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden_n 0.0000
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0050
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0045
	Prostata_n 0.0000
	Sinnesorgane 0.0077
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 150

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0100	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0117	0.0094	1.2446 0.8035
	Brust 0.0035	0.0014	2.5048 0.3992
	Dickdarm 0.0038	0.0028	1.3456 0.7432
	Duenn darm 0.0055	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock 0.0059	0.0048	1.2443 0.8036
	Endokrines_Gewebe 0.0032	0.0053	0.6036 1.6568
	Gehirn 0.0029	0.0070	0.4145 2.4127
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0190	0.0000 undef
15	Herz 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0039	0.0055	0.7016 1.4253
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0067	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0038	0.0052	0.7235 1.3821
	T_Lymphom 0.0101	0.0149	0.6762 1.4788
	Uterus 0.0015	0.0046	0.3213 3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0094		
	Penis 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
30	Entwicklung 0.0000
35	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0125
	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0185
	Placenta 0.0061
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0204
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0152
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0257
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden_n 0.0042
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0100
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0090
	Prostata_n 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 151

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase 0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Dickdarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0071	0.0000	undef
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0009	0.0039	0.2412	4.1464
	T_Lymphom 0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Uterus 0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0000			
	Penis 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
35	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0035
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden_n 0.0000
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0010
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0000
	Prostata_n 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 152

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Blase 0.0000	0.0047	0.0000 undef
	Brust 0.0009	0.0014	0.6262 1.5969
	Dickdarm 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
10	Eierstock 0.0000	0.0024	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0006	0.0010	0.5803 1.7234
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0049	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0075	0.0039	1.9294 0.5183
	T_Lymphom 0.0000	0.0075	0.0000 undef
	Uterus 0.0015	0.0000	undef 0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000		
	Penis 0.0027		
	Samenblase 0.0070		
	Sinnesorgane 0.0000		
30			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden_n 0.0000
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0010
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0000
	Prostata_n 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 153

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0075	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0078	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0026	0.0028	0.9393 1.0646
	Dickdarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
10	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0016	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0041	0.0110	0.3693 2.7082
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0046	0.0000	undef 0.0000
15	Herz 0.0020	0.0137	0.1477 6.7715
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0018	0.5262 1.9004
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0074	0.0000 undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000 undef
	Prostata 0.0028	0.0078	0.3618 2.7643
	T_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0015	0.0046	0.3213 3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000		
	Penis 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0157
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
45	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0152
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden_n 0.0000
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0060
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0113
	Prostata_n 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 154

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0075	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0000	0.0023	0.0000 undef
	Brust 0.0018	0.0014	1.2524 0.7985
	Dickdarm 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
10	Eierstock 0.0030	0.0072	0.4148 2.4110
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0095	0.0000 undef
	Gehirn 0.0018	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0118	0.0000 undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0000	0.0048	0.0000 undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0009	0.0039	0.2412 4.1465
	T_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0015	0.0000	undef 0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0053		
	Penis 0.0027		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden_n 0.0042
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0060
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0000
	Prostata_n 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 155

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0100	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Brust 0.0088	0.0098	0.8946 1.1179
	Dickdarm 0.0019	0.0028	0.6728 1.4864
	Duenndarm 0.0027	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock 0.0119	0.0048	2.4886 0.4018
	Endokrines_Gewebe 0.0064	0.0019	3.3917 0.2948
	Gehirn 0.0205	0.0060	3.4255 0.2919
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0046	0.0063	0.7324 1.3653
15	Herz 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0049	0.0037	1.3155 0.7602
	Magen-Speiseroehre 0.0072	0.0192	0.3778 2.6472
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0037	2.7833 0.3593
20	Niere 0.0022	0.0096	0.2321 4.3085
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0066	0.0130	0.5065 1.9745
	T_Lymphom 0.0000	0.0075	0.0000 undef
	Uterus 0.0046	0.0138	0.3368 2.9694
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0040		
	Penis 0.0080		
	Samenblase 0.0070		
	Sinnesorgane 0.0235		

	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0139
35	Gastrointestinal 0.0083
	Gehirn 0.0626
	Haematopoetisch 0.0118
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0107
	Lunge 0.0108
	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0061
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
50	Brust 0.0544	
	Brust_t 0.0000	
	Dickdarm_t 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
55	Eierstock_t 0.0051	
	Endokrines_Gewebe 0.0979	
	Foetal 0.0058	
	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0000	
60	Haut-Muskel 0.0194	
	Hoden_n 0.0167	
	Hoden_t 0.0000	
	Lunge_n 0.0000	
	Lunge_t 0.0000	
65	Nerven 0.0201	
	Niere_t 0.0000	
	Ovar_Uterus 0.0090	
	Prostata_n 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 156

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0039	0.0141	0.2766 3.6156
	Brust 0.0044	0.0098	0.4473 2.2357
	Dickdarm 0.0019	0.0057	0.3364 2.9727
	Duenndarm 0.0110	0.0107	1.0306 0.9703
10	Eierstock 0.0030	0.0119	0.2489 4.0182
	Endokrines_Gewebe 0.0032	0.0089	0.3621 2.7613
	Gehirn 0.0017	0.0040	0.4352 2.2978
	Haut 0.0037	0.0789	0.0466 21.4787
	Hepatisch 0.0000	0.0063	0.0000 undef
15	Herz 0.0152	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0120	0.0237	0.5089 1.9650
	Lunge 0.0039	0.0037	1.0524 0.9502
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0055	0.2992 3.3427
	Prostata 0.0038	0.0117	0.3216 3.1098
	T_Lymphom 0.0101	0.0224	0.4508 2.2182
	Uterus 0.0030	0.0092	0.3213 3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0123	0.0607	0.2029 4.9287
	Haematopoetisch 0.0040		
	Penis 0.0054		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0142
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0061
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0070
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden_n 0.0042
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0098
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0060
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0023
	Prostata_n 0.0121
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 157

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0000	0.0235	0.0000 undef
	Brust 0.0035	0.0070	0.5010 1.9961
	Dickdarm 0.0134	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
10	Eierstock 0.0030	0.0048	0.6222 1.6073
	Endokrines_Gewebe 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0006	0.0040	0.1451 6.8935
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0010	0.0275	0.0369 27.0862
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0072	0.0064	1.1335 0.8822
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0022	0.0048	0.4642 2.1540
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Prostata 0.0123	0.0456	0.2687 3.7211
	T_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus 0.0015	0.0046	0.3213 3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0013		
	Penis 0.0000		
	Samenblase 0.0070		
	Sinnesorgane 0.0000		
30			

	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
35	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0000
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden_n 0.0042
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0098
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0040
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0045
	Prostata_n 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 158

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Blase 0.0039	0.0047	0.8297 1.2052
	Brust 0.0079	0.0112	0.7045 1.4195
	Dickdarm 0.0287	0.0142	2.0184 0.4955
	Duenndarm 0.0192	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock 0.0059	0.0167	0.3555 2.8128
	Endokrines_Gewebe 0.0064	0.0177	0.3621 2.7613
	Gehirn 0.0087	0.0140	0.6217 1.6085
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0139	0.0063	2.1973 0.4551
15	Herz 0.0020	0.0412	0.0492 20.3146
	Hoden 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0039	0.0129	0.3007 3.3256
	Magen-Speiseroehre 0.0217	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0037	3.2472 0.3080
20	Niere 0.0045	0.0048	0.9285 1.0770
	Pankreas 0.0050	0.0221	0.2244 4.4570
	Frostata 0.0254	0.0469	0.5426 1.8428
	T_Lymphom 0.0051	0.0075	0.6762 1.4788
	Uterus 0.0030	0.0092	0.3213 3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0040		
	Penis 0.0054		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

	FETUS %Haeufigkeit
30	Entwicklung 0.0278
	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0125
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0507
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0136
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0253
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0075
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0097
	Hoden_n 0.0000
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0098
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0141
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0158
	Prostata_n 0.0243
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 159

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0075	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0000	0.0141	0.0000 undef
	Brust 0.0026	0.0028	0.9393 1.0646
	Dickdarm 0.0077	0.0057	1.3456 0.7432
	Duenndarm 0.0027	0.0107	0.2577 3.8812
10	Eierstock 0.0030	0.0095	0.3111 3.2146
	Endokrines_Gewebe 0.0064	0.0018	3.6214 0.2761
	Gehirn 0.0000	0.0060	0.0000 undef
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0190	0.0000 undef
15	Herz 0.0020	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0059	0.0000 undef
	Lunge 0.0010	0.0037	0.2631 3.8007
	Magen-Speiseroehre 0.0072	0.0064	1.1335 0.8822
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0067	0.0048	1.3927 0.7180
	Pankreas 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0123	0.0260	0.4703 2.1264
	T_Lymphom 0.0101	0.0149	0.6762 1.4788
	Uterus 0.0044	0.0092	0.4819 2.0750
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0120		
	Penis 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
30	Entwicklung 0.0139
35	Gastrointestinal 0.0194
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
40	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0108
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0121
45	Prostata 0.0499
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0608
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0075
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden_n 0.0000
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0030
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0293
	Prostata_n 0.0061
	Sinnesorgane 0.0387
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 160

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0125	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0000	0.0023	0.0000 undef
	Brust 0.0044	0.0056	0.7828 1.2775
	Dickdarm 0.0019	0.0028	0.6728 1.4864
	Duenndarm 0.0055	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock 0.0059	0.0048	1.2443 0.8036
	Endokrines_Gewebe 0.0048	0.0071	0.6790 1.4727
	Gehirn 0.0017	0.0050	0.3482 2.8723
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0093	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0071	0.0275	0.2584 3.8695
	Hoden 0.0040	0.0059	0.6786 1.4737
	Lunge 0.0097	0.0074	1.3155 0.7601
	Magen-Speiseröhre 0.0072	0.0064	1.1335 0.8822
20	Muskel-Skelett 0.0069	0.0037	1.8555 0.5389
	Niere 0.0045	0.0048	0.9285 1.0770
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0009	0.0104	0.0904 11.0571
	T_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0059	0.0092	0.6426 1.5563
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0040		
	Penis 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0083
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0118
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0178
	Lunge 0.0181
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0247
	Placenta 0.0061
45	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0:0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0136
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0110
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0194
	Hoden_n 0.0000
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0293
	Lunge_t 0.0000
	Nerven 0.0020
	Niere_t 0.0000
65	Ovar_Uterus 0.0023
	Prostata_n 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 161

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Blase 0.0000	0.0070	0.0000 undef
	Brust 0.0000	0.0014	0.0000 undef
	Dickdarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
10	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0006	0.0030	0.1934 5.1701
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0063	0.0000 undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0072	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0038	0.0117	0.3216 3.1098
	T_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0015	0.0092	0.1606 6.2251
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000		
	Penis 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
30	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
35	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
40	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden_n 0.0000
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0098
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0000
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0000
	Prostata_n 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 162

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0075	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0039	0.0070	0.5532 1.8078
	Brust 0.0053	0.0028	1.8786 0.5323
	Dickdarm 0.0038	0.0057	0.6728 1.4864
10	Duenndarm 0.0082	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0048	0.6222 1.6073
	Endokrines_Gewebe 0.0016	0.0018	0.9054 1.1045
	Gehirn 0.0214	0.0030	7.1565 0.1397
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0063	0.0000 undef
	Herz 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0019	0.0092	0.2105 4.7509
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0074	0.9278 1.0778
	Niere 0.0022	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0055	0.2992 3.3427
	Prostata 0.0066	0.0143	0.4604 2.1719
25	T_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus 0.0015	0.0046	0.3213 3.1125
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0040		
	Penis 0.0054		
	Samenblase 0.0141		
	Sinnesorgane 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
50	Brust 0.0340	
	Brust_t 0.0000	
	Dickdarm_t 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
55	Eierstock_t 0.0051	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0035	
	Gastrointestinal 0.0366	
	Haematopoetisch 0.0000	
60	Haut-Muskel 0.0097	
	Hoden_n 0.0000	
	Hoden_t 0.0000	
	Lunge_n 0.0098	
	Lunge_t 0.0000	
65	Nerven 0.0201	
	Niere_t 0.0000	
	Ovar_Uterus 0.0045	
	Prostata_n 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 163

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0078	0.0117	0.6638 1.5065
	Brust 0.0070	0.0028	2.5048 0.3992
	Dickdarm 0.0038	0.0028	1.3456 0.7432
	Duenndarm 0.0055	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock 0.0030	0.0024	1.2443 0.8036
	Endokrines_Gewebe 0.0096	0.0106	0.9054 1.1045
	Gehirn 0.0046	0.0130	0.3571 2.8005
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0046	0.0000	undef 0.0000
15	Herz 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0040	0.0059	0.6786 1.4737
	Lunge 0.0068	0.0018	3.6835 0.2715
	Magen-Speiseroehre 0.0145	0.0064	2.2671 0.4411
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0022	0.0096	0.2321 4.3081
	Pankreas 0.0050	0.0110	0.4487 2.2285
	Prostata 0.0028	0.0065	0.4341 2.3036
	T_Lymphom 0.0025	0.0149	0.1691 5.9152
	Uterus 0.0030	0.0000	undef 0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0040		
	Penis 0.0027		
	Samenblase 0.0070		
	Sinnesorgane 0.0000		
30			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0111
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0107
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0121
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0136
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0203
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0139
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0257
60	Haut-Muskel 0.0130
	Hoden_n 0.0125
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0098
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0100
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0180
	Prostata_n 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 164

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Blase 0.0078	0.0023	3.3190 0.3013
	Brust 0.0053	0.0126	0.4175 2.3954
	Dickdarm 0.0057	0.0057	1.0092 0.9909
	Duenndarm 0.0110	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock 0.0119	0.0119	0.9955 1.0046
	Endokrines_Gewebe 0.0032	0.0035	0.9054 1.1045
	Gehirn 0.0174	0.0040	4.3519 0.2298
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0093	0.0063	1.4649 0.6826
15	Herz 0.0112	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0120	0.0059	2.0357 0.4912
	Lunge 0.0068	0.0148	0.4604 2.1719
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0037	1.8555 0.5389
20	Niere 0.0022	0.0048	0.4642 2.1540
	Pankreas 0.0066	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0019	0.0052	0.3618 2.7643
	T_Lymphom 0.0126	0.0373	0.3381 2.9576
	Uterus 0.0030	0.0092	0.3213 3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0053		
	Penis 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30			

	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0:0000
35	Gastrointestinal 0.0083
	Gehirn 0.0125
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
40	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0181
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0061
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.1595
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0035
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden_n 0.0042
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0293
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0090
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0023
	Prostata_n 0.0182
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15 Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

20 Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

- 25 1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST.
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
- 30 3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

35 Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

45 Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Prostatatumor-Gewebe gefunden werden.

5 Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits 10 oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

15 **Beispiel 4**

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das 25 Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende 30 zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" -Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt. Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu würde das bekannte 35 Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sonder ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen 40 Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

Beispiel 5**Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone (<http://www.tree.caltech.edu/>; Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in ein bestimmtes Raster gebracht; so daß die DNA dieser Klone mit einer spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese

10 Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.

15 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.

Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs			
3	523-P-21			
20	446-E-12			
33	544-K-9	552-M-9	391-B15	228-G-2
36	420-I-3	395-G-4	489-A14	
44	194-A-22	438-F-10	491-A-16	
50	423-P-13	327-G-1	221-M-24	197-M-19
51	244-C-10	421-G-19		
53	342-M-13	347-N-18		
142	353-J-9	383-F-17	404-H-16	416-N-2
				501-A-5

Tabelle 1

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
3	in Prostataatumoren erhöht	Humanes Homolog zu der bovinen anorganischen Pyrophosphatase	Pyrophosphatas e	10q21.1-q22.1	SHGC-36251- D10S1428	246	1258	
4	in Prostataatumoren erhöht	Unbekannt		2q35	SHGC-32022- D2S126	257	894	
6	in Prostataatumoren erhöht	Humanes Homolog zu einem GTPase aktivierenden Protein aus Yarrowia lipolytica	TBC			225	1017	
7	in Prostata- und Brusttumoren erhöht	MLN 62	MATH: TRAF	17p12-q11.2	D17S798	192	671	
10	in Prostataatumoren erhöht	Unbekannt		1p36.13-p36.12	D1S3153- D1S2740	225	870	
12	in Prostataatumoren erhöht	BCE-1		2q35	SHGC-32022- D2S126	215	1312	
13	in Prostataatumoren erhöht	GATA-3		10p15.1	D10S1431- SHGC-32335	230	1008	
15	in Prostataatumoren erhöht	Unbekannt		19p13.3-p13.2	D19S854- SHGC-36605	193	706	
17	in nicht normierten oder subtrahierten Bibliotheken nur im Prostata- u. Gehirntumoren nachweisbar	Unbekannt		2q33.1-q33.3	SHGC-36529- D2S374	246	450	
18	in Prostataatumoren erhöht	Unbekannt		Xq25-28	DXS1062- DXS9754	233	418	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
19	nur in Prostata- und Brusttumoren	Homolog zu der Inositol Polyphosphat-4-Phosphatase Typ 1beta.		20q13.2	D20S197- SHGC-33731	282	549	
20	in Prostata-tumoren erhöht	Unbekannt				249	999	
21	Prostata-tumoren erhöht	Unbekannt		4q31.22-31.23	D4S397- D4S2965	301	311	
22	Prostata-tumoren erhöht	Unbekannt		16p11.2	SHGC-2727- SHGC-35326	231	527	
23	nur in Prostata-tumoren nachweisbar	Unbekannt		9q21.31-21.32	SHGC-35114- D9S1122	224	359	
24	in Prostata-tumoren erhöht	Unbekannt		2p11.1 - 2p12	D2S388- D2S2579	242	1482	
26	nur in Prostata-tumoren nachweisbar	Unbekannt		2q11.2	D2S2311- D2S2886	229	316	
27	in Prostata-tumor und Hyperplasie erhöht	Homolog zu DYNAMIN-1		15q25.1-q25.3	SHGC-30592- SHGC-35120	209	369	
29	nur im normalen Lungengewebe, in Prostata- und in Endokrine-Tumoren	Unbekannt		6q23.1-23.3	D6S1835- D6S1569	260	591	
31	in Prostata-tumoren erhöht	Unbekannt		10q21.1-21.3	D10S1688- SHGC-33649	241	1631	
33	in Prostata-tumoren erhöht	Humanes Homolog zu NST-1 aus der Maus	HSP70			247	844	
34	in Prostata-tumoren erhöht	Unbekannt		17q11.2	SHGC-2348	386	1563	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cylogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
36	ca. 5 x stärker in Prostataumoren als im entsprechenden Normalgewebe	Homolog zu NMDA		8q24.3	AFMA128XH5	298	1557	
37	5 x stärker in Prostataumoren als im entsprechenden Normalgewebe	Unbekannt		18q21.1-18q21.33	D18S831-D18S64	213	1381	
39	ca. 4,5 x stärker in Prostataumoren als im entsprechenden Normalgewebe	Humanes Homolog zu Sec61		3q22.1-3q23	SHGC-37132-SHGC-30693	224	615	
40	8 x stärker in Prostataumoren als im entsprechenden Normalgewebe	HUMANer INTESTINALer TREFOLI-FACTOR HP1.B	Trefoil	21q22.3		276	834	
44	in Prostata- und Hauttumoren erhöht	Unbekannt		6q12-p12.1	SHGC-10670-SHGC-31710	207	997	
45	in Prostataumoren erhöht	Homolog zu humanem Melastatin 1	CATION CHAN NEL TRPL	19q13.2-q13.41	SHGC-9668-SHGC-30929	212	548	
46	in Prostataumoren erhöht	Unbekannt		9q21.32-q22.1	D9S1120-D9S1812	241	1448	
47	in Prostataumoren erhöht	Homolog zu einem Protein kinase C substrat		16p13.3-q24.3	D16S521-SHGC-2951	165	1163	
48	in Prostataumoren erhöht	Unbekannt		19q13.2-q13.41	NIB1805-WI-9028	260	906	

Seq Expression ID	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
49 in Prostata tumoren erhöht	Unbekannt		2p24.3	D2S1288	259	1222	
50 in Prostata tumoren erhöht	Unbekannt				277	649	
51 in Prostata tumoren erhöht	Unbekannt				272	1226	
52 in Prostata tumoren erhöht	Unbekannt		12q24.22-q24.23	D12S1619-D12S1915	249	1036	
53 in Prostata tumoren erhöht	Homologie zu der Familie der High Mobility Group Proteine	Ribosomal L7 A	10q11.1-q23.1	D10S1571-D10S583	228	758	
142 in Prostata tumoren erhöht	Calcyclin bindendes Protein		1q24-25	WI-3733-WI-5780	317	1663	
144 2.1719 x fach im Prostata tumor gegenüber normalem Prostata gewebe exprimiert	Unbekannt		2q35	SHGC-32022-D2S126		2105	4
145 1.8304 x fach im Prostata tumor gegenüber normalem Prostata gewebe exprimiert	Humanes Homolog zu einem GTPase aktivierenden Protein aus <i>Yarrowia lipolytica</i>	TBC			1125		6
146 1.935 x fach im Prostata tumor gegenüber normalem Prostata gewebe exprimiert	Unbekannt		1p36.13-p36.12	D1S3153-D1S2740	1490	10	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangs-Sequenz
147	2.3036 x fach im Prostataumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	BCE-1		2q35	SHGC-32022-D2S126		1692	12
148	2.1361 x fach im Prostataumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Unbekannt		19p13.3-p13.2	D19S854-SHGC-36605		866	15
149	2.0732 x fach im Prostataumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Unbekannt		2q33.1-q33.3	SHGC-36529-D2S374		992	17
150	1.3821 x fach im Prostataumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Humanes Homolog zu der Tyrosin-Protein Kinase 1 aus Dictyostelium discoideum		GAMMA_CARB_OXYLASE			1640	20
151	1.1464 x fach im Prostataumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Humanes Homolog des ZFP-29 aus der Maus	zf-C2H2	16p11.2	SHGC-2727-SHGC-35326		974	22

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
152	1.9294 x fach im Prostataumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Homolog zu DYNAMIN-1		15q25.1-q25.3	SHGC-30592- SHGC-35120		1059	27
153	2.7643 x fach im Prostataumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Unbekannt		10q21.1-21.3	D10S1688- SHGC-33649		2003	31
154	4.1465 x fach im Prostataumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Humanes Homolog zu NST-1 aus der Maus	HSP70				1130	33
155	1.9745 x fach im Prostataumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase typ 2 beta		17q11.2	SHGC-2348		5779	34
156	3.1098 x fach im Prostataumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Lysophospholipase ESTERASE	6q12-p12.1	SHGC-10670- SHGC-31710			2408	44

Seq ID	Funktion	Module	Cylogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
157	Homolog zu humanem Melastatin 1	CATION_CHAN_NEL_TRPL	19q13.2-q13.41	SHGC-96688-SHGC-30929		1548	45
158	3.7211 x fach im Prostatalumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Unbekannt	9q21.32-q22.1	D9S1120-D9S1812		2319	46
158	1.8428 x fach im Prostatalumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Unbekannt	19q13.2-q13.41	NIB1805-WI-9028		1467	48
159	2.1264 x fach im Prostatalumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Unbekannt					
160	11.0571 x fach im Prostatalumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Unbekannt	2p24.3	D2S1288		1348	49
161	3.1098 x fach im Prostatalumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Unbekannt				1290	51

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
162	2.1719 x fach im Prostata tumor gegenüber normalem Prostata gewebe exprimiert	Unbekannt		12q24.22-q24.23	D12S1619-D12S1915		2912	52
163	2.3036 x fach im Prostata tumor gegenüber normalem Prostata gewebe exprimiert	Homologie zu der Familie der High Mobility Group Proteine	Ribosomal L7A	10q11.1-q23.1	D10S1571-D10S583		850	53
164	2.7643 x fach im Prostata tumor gegenüber normalem Prostata gewebe exprimiert	Calcyclin bindendes Protein		1q24-25	WI-3733-WI-5780		2223	142

Tabelle 2

<u>DNA-Sequenz Seq ID No.</u>	<u>Peptid-Sequenz (ORF's) Seq ID No.</u>				
3	57				
4	58				
6	59	60			
7	61				
10	64				
12	66	67			
13	68				
15	70	71			
17	73	74			
18	75				
19	76	77			
20	78	79			
21	80				
22	81				
23	82				
24	83				
26	85				
27	86				
29	87				
31	89	90			
33					
34	92				
36	94				
37	95				
39					
40	97				
44	101	102	103	104	105
45	106	107	108		
46	109	110	111		
47	112	113	114		
48	115	116	117	118	119
49	122	123	124	125	
50	126	127	128	129	
51	130	131	132		
52	133	134	135	136	137
53	138	139	140	141	
142	143				
144	165	166			
145	167				
146	168	169			
147	170	171			
148	172	173			
149	174	175			
150	176	177			
151	178				
152	179	180			
153	181	182			
154	183				

<u>DNA-Sequenz</u> <u>Seq ID No.</u>	<u>Peptid-Sequenz</u> <u>(ORF's)</u> <u>Seq ID No.</u>
155	184
156	185
157	186
158	188
159	190
160	192
161	194
162	196
163	198
164	199

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6, 7, 10, 12, 13, 15, 17-24, 26, 27, 29, 31-34, 36, 37, 39, 40, 44-53; 142, 144-164 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

5

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1672
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1671

10

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
20 Prostatatumorgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 167

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:3:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1200 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

10 GGGCTCTCTC CTTGTCAGTC GGCGCCGCGT GCAGGGCTGGT GGCTCTGTGG CAGCGGCCGC 60
GGCAGGACTC CGGCACATATG AGCGGGCTTC GAACCGAGGA GCGCGCCGCG CCTTCTCCCT120
GGAGTACCGA GTCTTCCTCA AAAATGAGAA AGGACAATAT ATATCTCCAT TTCAATGATAT180
TCCAATTAT GCAGATAAGG ATGTGTTCA CATGGTAGTT GAAGTACAC GCTGGTCTAA240
TGCAAAAATG GAGATTGCTA CAAAGGACCC TTTAAACCCCT ATTAAACAAAG ATGTGAAAAA300
15 AGGAAAACCT CGCTATGTTG CGAATTGTT CCCGTATAAA GGATATATCT GGAACATGG360
TGCCATCCCT CAGACTTGGG AAGACCCAGG GCACAATGAT AAACATACTG GCTGTTGG420
TGACAATGAC CCAATTGATG TGTGTGAAAT TGGAAAGCAAG STATGTGCAA GAGGTGAAT480
AATTGGCGTG AAAGTTCTAG GCATATTGGC TATGATTGAC GAAGGGAAA CCGACTGGAA540
20 AGTCATTGCC ATTAATGTGG ATGATCCTGA TGCAGCCAAT TATAATGATA TCAATGATGT600
CAAACGGCTG AACCTGGCT ACTTAAAGC TACTGTGGAC TGTTTAGAA GGTATAAGGT660
TCCTGATGGA AAACCAGAAA ATGAGTTTCG GTTTAATGCA GAATTAAAG ATAAGGACTT720
TGCCATTGAT ATTATTAAAA GCACTCATGA CCATTGGAAA GCATTAGTGA CTAAGAAA780
25 GAATGGAAAA GGAATCAGTT GCATGAATAC AACTTTGTCT GAGAGCCCCT TCAAGTGTGA840
TCCTGATGCT GCCAGAGCCA TTGTGGATGC TTTACCAAC CCCTGTGAAT CTGCCTGCAC900
AGTACCAACA GACGPGGATA AGTGGTTECA TCACCAGAAA AACTAATGAG ATTTCTCTGG960
35 AATACAAGCT GATATTGCTA CATCGTGTTC ATCTGGATGT ATTAGAAGTA AAAGTAGTAG1020
CTTTCAAAG CTTAAATTT GTAGAACTCA TCTAACTAAA GTAAATTCTG CTGTGACTAA1080
TCCAATATAC TCAGAATGTT ATCCATCTAA AGCATTTTC ATATCTCAAC TAAGATAACT1140
TTTAGCACAT GCTTAAATAT CAAAGGAGTT GCCATTTGG AGGCACTTGT GAATAGGTGT1200

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 894 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

5 CTTCACGGAG CAGCATGCTT TCTCCTGCAG CGATGGCTCA CCCCCTGCGC CACTGCGTGG 60
 GGCTGACCGG GCTGATGTGG CCGATGTTCT GGGGACAGCT CTAGAGGAGC TGAACCCCG120
 CTACCACCCG GCCTTGCAGGC TCCAGAAGCA GCAGCTGGTG AATGGCTACC GACGCTTGA180
 TCCGGCCCGG GGTATGGAAT ACACGCTGGA CTTGCAGCTG GAGGCACTGA CCCCCCAGGG240
 AGGCCGCCGG CCCCTCACTC GCCGAGTGCA GCTGCTCCGG CCGCTGAGCC GCGTGGAGAT300
 10 CTTGCTGTG CCCTATGTCA CTGAGGCCTC ACGTCTCACT GTGCTGCTGC CTCTAGCTGC360
 GGCTGAGCGT GACCTGGCCC CTGGCTTCCTT GGAGGCCTTT GCCACTGCAG CACTGGAGCC420
 TGGTGATGCT GCGGCAGCCC TGACCCCTGCT GCTACTGTAT GAGCCCGGCC AGGCCCAGCG480
 CGTGGCCCAT GCAGATGTCT TCGCACCTGT CAAGGCCAT GTGGCAGAGC TGGAGCGGCG540
 TTTCCCCGGT GCCCGGGTGC CATGGCTCAG TGTGCAGACA GCCGCACCC CACCACTACG600
 15 CCTCATGGAT CTACTCTCCA AGAACGACCC GCTGGACACA CTGTTCTGC TGGCCGGGCC660
 AGACACGGTG CTCACGCCCTG ACTTCCTGAA CCGCTGCCGC ATGCATGCCA TCTCCGGCTG720
 GCAGGGCTTC TTTCCCATGC ATTCCAAGC CTTCCACCCCA GCTGTGGCCC CACCACAAGG780
 GCCTGGGCC CCAAGAGCTGG GCCGTGACAC TGGCCGCTTT GATGCCAGG CAGCCAGCGA840
 GGCCTGCTTC TACAACTCCG ACAACGGCAG CCCGTGGGCG CCTGGCGGCA GCTC
 20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1017 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

CATAGTCAGC TCGTTGATGT GCTTGAGGAT CTCATTGGAG CCGAACCCGG ACAGCATGAG 60
 GGTGTCCTC TCCATGTCCA GGATGGCGCA GGGCACCAGC AGGTGCAGAT TGGGGCCAGG120
 GAGCCCTGTC CACAGCACCT CCCACAGCCG AAGGACATCC GGGAAAGGGGA ATTCCCTCTT180
 50 GAACCAGATG AGCAGCCACC GGAAACAGAA GCAGAGAGAG CCGGAGTCCT GGGAAATCCAG240
 GAAGTCGCAG AGCAGGGGGT CCAGCACCT CCGGAGGAGC AGCAGTCGCC CGAGTTGCCG300
 CTTCATGGTC TCCTGGCTCT CTTCAAAGCT CGAGCCGCTC GAGCCGAATT CGGCTCGAGA360
 AACCAAGCCTG CTCCTGGAGC TTCCCTGGAC TCAAACCTCCT AAAGGCATGT GAGGAAGGG420

5 TAGATTCCAC AATCTAATCC GGGGGCCATC AGAGTAGAGG GAGTAGAGAA TGGATGTTGG480
 GTAGGCCATC ATAAGGTCC ATTCTGCGCA GTATCTCAAC TGCCGTTCAA CAATCGCAAG540
 AGGAAGGTGG AGCAGGTTTC TTCATCTTAC AGTTGAGAAA ACAGAGACTC AGAAGGGCTT600
 CTTAGTTCAT GTTTCCCTTA GCGCCTCAGT GATTGTTCA TGGTGGCTTA GGCCAAAAGA660
 AATATCTAAC CATTCAATT ATAAATAATT AGGTCCCCAA CGAATTAAAT ATTATGTCCT720
 ACCAACTTAT TAGCTGCTTG AAAAATATAA TACACATAAA TAAAAAAATA TATTTTCAG780
 TTCTATTCA GTGTTAATGA GAACACTTA CTAAGGAGAT GTATGCACCT ATTGGGACAG840
 TGTGCAAGTT CTTCAGCTGG GATTGAGGGT GGGCAATGCT GCCCCTCAAT TTCTGCTTCC900
 10 AGGTGGGTGG TTCCATATGG TACTTGAGTT TTTATCAGAG GGCCTGGGAA AACCCCAGTC960
 TCACAAAAAT ATTGAAATTA TCAGAAGGGT TATAGTGGCA ATCTTATGTT GAAAGGA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 671 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

40 CATAAGTATG GTTACAAGCT GCAGGTGTCT GCATTCCCTCA ATGGCAATGG CAGTGGTGAG 60
 GGCACACACC TCTCACTGTA CATTCTGTG CTGCGCTGGTG CCTTTGACAA TCTCCTTGAG120
 TGGCCCTTTG CCCGCCGTGT CACCTCTCC CTGCTGGATC AGAGCGACCC TGGGCTGGCT180
 AAACACACAGC ACGTCACTGA GACCTTCCAC CCCGACCCAA ACTGGAAGAA TTTCCAGAAG240
 CCAGGCACGT GGCAGGGCTC CCTGGATGAG AGTTCTCTGG GCTTTGGTTA TCCAAGTTC300
 45 ATCTCCCACC AGGACATTG AAAGCGAAC TATGTGCGGG ATGATGCACT CTTCATCCGT360
 GCTGCTGTTG AACTGCCCG GAAGATCCTC AGCTGAGTGC AGGTGGGGTT CGAGGGAAA420
 GGACGATGGG GCATGACCTC AGTCAGGCAC TGGCTGAAC TGGAGAGGGG GCGGACCCCC480
 CGTCAGCTGC TTCTGCTGCC TAGGTTCTGT TACCCCATCC TCCCTCCCCC AGCCACCA540
 CTCAGGTGCC TCCAATTGGT GCTTCAGCCC TGGCCCTGT GGGGAACAGG TCTTGGGTC600
 ATGAAGGGCT GGAAACAAGT GACCCAGGG CCTGCTCTCCC TTCTTGGGTA GGGCAGACAT660
 GCTTGGGTGC C

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5
(A) LÄNGE: 870 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10
(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

15
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20
(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25
(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

CCTTCCTCTT CTGGTTCAAGC GTGGCCTCCC TAATCACCCCT CTTCCACCTC TTCCCTTTCA 60
AGCTCATCTA CAACGAGTAC TGTTGGCCTG GAGCCAAGCC CCTCTTCAGG AGTAAGGAAG120
25 ATCCCAGTGT CTGAGTGAAC TAACAGTCCT GCTTCAGCC ACCATTGCA CAAGACACCC180
AGCACTGAAA GTCCCGCTGC CAGGAGCAAG GGATCCTTG GAAGCACCCG CCCTTGTGC240
CTTGTGGGG GAAACCGGTG ACGCAGAAGT GAGTGTGGAT ACACCAGAGT TTGCATTGGA300
AGGAATGAGT GTCACGTGGG GAGGGAAAGGG GCCAGTGGAC CTTTGTAAG CTTTCCACTC360
AATAAAATGA ACCTGTATGG CAAATACTG AAATGGAACt CACTCCTTCC ACTTTCCCCC420
30 TTTCTCTGT CCCAGGAAAT AGATCATCTT TTGAAAAGAC TCTTGTCTAG GAAAAGTTGT480
GTCCTTTCC TAATTTAACG TGTTCTTCT TAATGAAGTT TTAATTATT TTTGTTGAGA540
TTTGCTAGA TGGCTTTGC ATCCCCTGTA GATGGTGAGT GTTGGCGGTG ATGTCCGTCT600
CGCGTTCGG AGGCCCAACG GTCCCGAGGC TGGGCCGGGG CCCCCCAGGG TGGCTGTGCT660
GTCGCTGTA GGAGGGTGCG GGTTGTGCTG TCATCCTCGG GTTGCACGC CCTTTTTAG720
35 GAGCCTGTGG ACATCTGTGG TTTTGTACTT TGGGGCTTCA GGGGAGGTGT TTAACTTTCT780
AGTGATTGAT GATTGTCAAGG TTTGAAATA CCAAAGCTT TTTGTCTGT TTTAAATAA840
ATATCTTCA AACTTAAAAA AAAAAAAAAA

40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

45
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1311 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

50
(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

15 TTAAAAGTTA TTTATGTTA ATGCTTAAAA GTCTGAATT ACAAACAATC TACCATTATA 60
GAAGTACTGG TGGTCAATAC AATGCATTAG AACTATGTAC AACGCACAGT TTGATCAA120
AATCTTCTA CACTGTAGAG TTTACGAAA CTGTTAATGA CATCAAACAC TAAGCACTTA180
AGACACCATT TTTTCTGCT ACCACATTAG GAACGTCAT GGACAGTCCA TTTCAACTG240
CCGCATCCAT CCATTTCTAG TATGAAATTA AGTAATTTC TACTTATACA ATAAAGTATA300
TCTACACGGT TCTTTGATT TTGATCCATC GCAGCAACGG CACTGTACAT CAGCCTCGAG360
20 CCGATTCCGGC TCGAGCTTGC CTGTGCCCTA TGTCACTGAG GCCTCACGTC TCACTGTGCT420
GCTGCCTCTA GCTGCGGCTG AGCGTGACCT GGCCCCTGGC TTCTTGGAGG CCTTTGCCAC480
TGCAGCACTG GAGCCTGGTG ATGCTGCGGC AGCCCTGACC CTGCTGCTAC TGTATGAGCC540
GCGCCAGGCC CAGCGCGTGG CCCATGCAGA TGCTTCGCA CCTGTCAAGG CCCATGTGGC600
AGAGCTGGAG CGGCCTTCC CGCGTGGCCCG GGTGCCATGG CTCAGTGTGC AGACAGCCGC660
25 ACCCTCACCA CTACGCCCTCA TGGATCTACT CTCCAAGAAC CACCCGCTGG ACACACTGTT720
CCTGCTGGCC GGGCCAGACA CGGTGCTCAC GCCTGACTTC CTGAACCGCT GCCGCATGCA780
TGCCATCTCC GGCTGGCAGG CCTTCTTCC CATGCATTTT CAAGCCTTCC ACCCAGTGT840
GGCCCCACCA CAAGGGCCTG GGCCCCCAGA GCTGGGCCGT GACACTGGCC GCTTTGATCG900
30 CCAGGCAGCC AGCGAGGCCT GCTTCTACAA CTCCGACTAC GTGGCAGCCC GTGGGCGCCT960
GGCGGCAGCC TCAGAACAAAG AAGAGGAGCT GCTGGAGAGC CTGGATGTGT ACGAGCTGTT1020
CCTCCACTTC TCCAGTCTGC ATGTGCTGCG GGCGGTGGAG CGGGCGCTGC TGCAGCGCTA1080
CGGGGCCAG ACGTGCAGCG CGAGGCTCAG TGAGGACCTG TACCACCGCT GCCTCCAGAG1140
CGTGCTTGAG GGCCTCGGCT CCCGAACCCA GCTGGCCATG CTACTCTTG AACAGGAGCA1200
GGCAACAGC ACCTGAGCCC ACCCTGTCCC CGTGGGCCGT GGCATGGCA AAACCCACCC1260
35 CACTTCTCCC CCAAAACCAG AGCCACCGCC AGCCTCGTGG GCAGGGTTGG C

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1008 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN.

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN.

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

10 CCGCCATCCA GCCTGTCCTT TGGACCACAC CACCCCTCCA GCA~~T~~GGTCAC CGCCATGGGT 60
TAGAGCCCTG CTCGATGCTC ACAGGGCCCC CAGCGAGAGT CCCTGCAGTC CCTTCGACT120
TGCATTTTG CAGGAGCAGT ATCATGAAGC CTAAACGCGA TGGATATATG TTTTGAAGG180
CAGAAAGCAA AATTATGTT GCCACTTGC AAAGGAGCTC ACTGTGGTGT CTGTGTTCCA240
ACCACTGAAT CTGGACCCCA TCTGTGAATA AGCCATTCTG ACTCATATCC CCTATTTAAC300
15 AGGGTCTCTA GTGCTGTGAA AAAAAAAAAT GCTGAACATT GCATATAACT TATATTGTAAC360
GAAATACTGT ACAATGACTT TATTGCATCT GGGTAGCTGT AAGGCATGAA GGATGCCAAG420
AAGTTTAAGG AATATGGGAG AAATAGTGTG GAAATTAAGA AGAAACTAGG TCTGATATTCA480
AAATGGACAA ACTGCCAGTT TTGTTTCCTT TCACTGGCCA CAGTTGTTG ATGCATTAAA540
AGAAAGGCAGA ATCATTGTT CAAAGCTGTT GGCCTCTGCA AAGGAAATAC CAGTTCTGGG600
20 CAATCAGTGT TACCGTT~~C~~AC CAGTTGCCAT TGAGGGTTTC AGAGAGCCTT TTTCTAGGCC660
TACATGCTTT GTGAACAAGT CCCTGTAATT GTTGTGTA TGTATAATT AAAGCACCAA720
AATAAGAAAA GATGTAGATT TATTTCATCA TATTATACAG ACCGAACTGT TGTATAAATT780
TATTTACTGC TAGTCTTAAG AACTGCTTTC TTTCGTTGTT GTGTTCAAT ATTTCCCTC840
TCTCTCAATT TTTGGTTGAA TAAACTAGAT TACATTCACT TGGCCTAAGG TGGTTGTGCT900
25 CGGAGGGTTT CTTGTTCTT TTCCATTGTT TTTTGGGAT GATATTATT AAATAGCTCC960
TAAGAGTCCG GCGGCATCTG TCTTGTCCCT ATTCTGCAG CCTGTGCT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 706 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

5 GTTGGGGAA ACCCACGAGG GGACGCGGCC GAGGAGGGTC GCTGTCCACC CGGGGGCGTG 60
GGAGTGGAGA CTGCAAGAGG GAGGAAGGCG GGAACCTAGG AGGCCTGATT AAGATGGTCC120
ATCTACTGGT CTTGTCAGGT GCCTGGGGCA TGCAAATGTG GGTGACCTC GTCTCAGGCT180
TCCTGCTTT CCGAAGCCTT CCCCGACATA CCTTCGGACT AGTGCAGAGC AACTCTTCC240
CCTTCTACTT CCACATCTCC ATGGGCTGTG CCTTCATCAA CCTCTGCATC TTGGCTTCAC300
10 AGCATGCTTG GGCTCAGCTC ACATTCTGGG AGGCCAGCCA GCTTACCTG CTGTTCTGA360
GCCTTACGCT GGCCACTGTC AACGCCCGCT GGCTGGAACC CCGCACCACCA GCTGCCATGT420
GGGCCCTGCA AACCGTGGAG AAGGAGCGAG GCCTGGGTGG GGAGGTACCA GGCAGCCACC480
AGGGTCCCAGA TCCCTACCGC CAGCTGCGAG AGAAGGACCC CAAGTACAGT GCTCTCCGCC540
AGAATTCTT CCGCTACCAT GGGCTGTCT CTCTTGCAA TCTGGGCTGC GTCCTGAGCA600
ATGGGCTCTG TCTCGCTGGC CTTGCCCTGG AAATAAGGAG CCTCTAGCAT GGGCCCTGCA660
TGCTAATAAA TGCTTCTTCA GAAATGGCAA AAAAAAAA AAAAAAT

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 450 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN.

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

TAATGTTAA AATTCAATTAA GGATTTACCT TACTGCTGTA AAATCTGGTC TATTTTAGTT 60
TCCTCTGGGT AGTTAGTGTT GCTAATAAGA TGGACGTAAG TGTTTTGAA CTGGTGAATT120
CTGATTGCTT TTAGCCCCCA GTTTTCCAAA TAGGGGTGAA TTCTGGGTAG AGATAGAAC180
ATCACCAAGT TACCTTGCTC CAAAAAAGAA ATTACGTAT GGGATTGTT TCAAAGCGGG240
45 AAGTTAGCTG TGTAAATAAC ACAATTAA TATATTTAAT CTGGGCTTCT CCTTATCTG300
AATGATATAA AAATCTACTT TCTAGATCAA TTTAGTTCCA TATAACTTTG TATTGCTTG360
ACTGTACTGA TAATAAAGTT TGAAAGTGT AAATTTAAAA AAGAAAAAAA GAGGCAAAAG420
GAAAGACAAG AAAGGGACCC GGGAGGGATC

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:418 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

cgaagattca aaagctccaa aaacctactg tggacatcga agaaccata tatacatgg 60
gcacaacaatc cagtgtccgc aggctgaaga ggagcgccc ctgtgaatcc aacgaggcca120
acgaggccaa tgaggccaac aagacgatgc cggagacccc aactggggac tcagacccgc180
aacctgctcc taaaaaaaaatg aaaacatctg agtccctcgac catactagtg gttcgctaca240
ggaggaacgt gaaaagaaca tctccagagg aactggtgaa tgaccacgccc cgagagaaca300
aatcaaccc cgaccaaatg gaggaggagg aattcataga aatacgacta aagccta360
aatcgcaaga agctacatcc ctcaaacttc ggcaatgaaa ataaagttt agaagctg

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:548 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

ggccccgcat gccactttcc tgccccagag tttaaacaga aagaagagtg tacaatccgt 60
ggccggagcc tgatacggat gagcatccag gggacacctg gaacccatca120
agacccttgtt ggacaacatt cagagatatg tggaaagatgg gaagaaccag ctgctccagg180
10 cttgtctgaa gtgcacagac acggagctgc agctgcgcag agacgcgatc ttctgccagg240
ccctgggtggc cgccgtgtgc accttctccg agcaagctgct ggcggccctg ggctaccgct300
acaacaacaa tggcgagtag caggagagca gccgcacgc cagccgcäag tggctggagc360
aggtggcgcc cacgggcgtc ctgctgcact gccagtcct gctctcgca ggcacagtga420
15 aggagggacg ggccatgtg gaggtcatct gggtgacgct gtcagagctg gacaatttga480
ccttctccct ttaagggagc tggccggga actatttgg gcaagcacca aatgtgttt540
accgcatt

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

- 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 999 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

45 CAAGATGACC TCTCCGTCT ACGGCACCGA CATGATGGTG GGCATCGGGA CGTCGGATGT 60
GGACCTGGAC AAATACCGCC ACACGTTCTG CAGCCTGCTG GGCAGGGATG AGGACAGCTG120
GGGCCTCTCC TACACGGGCC TCCTCCACCA CAAGGGCGAC AAGACCAGCT TCTCGTCCG180
GTTCGGCCAG GGCTCCATCA TTGGCGTGCA CCTGGACACC TGGCACGGCA CACTCACCTT240
TTTCAAGAAC AGGAAGTGTG TAGGTGTGGC AGCCACCAAG CTGCAGAACAA AGAGATTCTA300
CCCGATGGTG TGCTCCACGG CGGCCCGGAG CAGCATGAAG GTCACCCGCT CCTGTGCCAG360
50 CGCCACTTCC CTCCAGTACC TGTGCTGCCA CCGCCTGCGC CACTGCGGCC AGACTCGGGA420
GACACGCTGG AGGGTCTGCC GCTGCCGCCG GGCCTCAAGC AGGTGCTACA CAACAAAGCTG480
GGCTGGGTCC TGAGCATGAG TTGCAGCCGC CGCAAGGTCC AGTGTCCGAT CCCCAGGCAG540

CGACCTCCGC CCACCCCCAGC AGTCGCGAGC CTCGGCCCTG CCAGAGGAAG CGCTGCCGCC600
GGACCTGACT GACTTCCCAG TGGAACTGCC TTCTTGGGCT GGGACAGCCC TTTCCTCTGT660
CCCTTCTTTC TCTGTCCCTT CCTTCCAGCC ACACTCCAGG GCGGAGTTGG ATGAGGCCCG720
TCCGGAGGGA GCCATCTCTT GCTCCCGAGG CTGGGACAGT CCTTTCTGTG GGGGCTCTAG780
GGCCCCCTCTG CTGCTGTGCT GGGTGGGGAA GCGGGCTGCC TGAGCCCCAG GTCTGTGGG840
AGGCTGCGAG GACGAGAGCC TGGCTGGAGC CCGCGTTGCT GTTCCCACAG GGCCTCGGTT-900
TTTCCTTAAC T TGCTCTGCAT GCTGTCAGCG GCTGCCCGC CGTCATAGAC TTAAAGGACT960
GCAATAAATG TAGAGTTGAT GTCTAACAAA CAAAAAAA

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

 - (A) LÄNGE: 311 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

gggactttct ctgaatgcag atttgttctg aatgttatca ccataggagg atttgtgaca 60
gggagtgcct tgatcaaatt tctgattttt gaatgttgtt tgtaatacgca gtttggat120
ggtttgaagg agtagtagac aaaaggctga aaacctgtc ggagagcagt agtccagag180
agatgaaact gagtgataga atggaaaaga aagggtttaa gaggtgttgg gggaaaggaa240
ggttggagaa ataactttct gattgcctaa catgtgttca gacattctgc tcataccttat300
ctatTTAATT T

(2) INFORMATION ÜBER SEQ-ID-NÖ: 22:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

 - (A) LÄNGE: 527 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

GAGACCTCTT GCAAGATGCT TCTCTGCCGC CATAGGCTGG AGGTTCCCCG GGAAATTTC 60
CCTTCCTTCC TAGCTGAGGA AGATCCCTCA CTTCCGCTCG CCGCGCCACC GGTCCCACCT120
20 CCCCGCCCCC CGCTGGTCC TAGCGCCGGC CCCTGTTGG CAGGGTCCGG GCTCCGTCGG180
TGCAGGGAGC CGACGCCGAC GCCACGGAGT CAGCACAAAGT CTCATCAGAG AAACCCCGTT240
CACCAAGGCC ATGGAAGTGG AGGCTGCAGA GGCCCCTGC CCAGCCCCG GCTACAAGCG300
CTCGGGCCGC CGCTACAAGT GCCTGTCTGT TACCAAGACA TTTCCAAACG CGCCCAAGGGC360
25 AGCGGCCAC GCTGCCACAC ATGGGCCGGC AGACTGCTCT GAAGAGGTGG CCGAGGTGAA420
GCCAAAGCCA GAGACAGAAG CTAAGGCAGA GGAAGCCAGT GGGGAGAAGG TGTCACGGTC480
CGACGCCAAG CCTAGGCCCT TATCGGTGTC CGCTATGCC CAAGGCC

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 359 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

5 GTTCCAGACA GAAGAAATAG CAAGTGCCGA GAAGCTGGCA TCAGAAAAAC AGAGGGGAGA 60
TTTGTGTGGC TGCAGCCGAG GGAGACCAGG AAGATCTGCA TGGTGGGAAG GACCTGATGA120
TACAGAGGTG AGAAATAAGA AAGGCTGCTG ACTTTACCAT CTGAGGCCAC ACATCTGCTG180
AAATGGAGAT AATTAACATC ACTAGAAACA GCAAGATGAC AATATAATGT CTAAGTAGTG240
ACATGTTTT GCACATTCC AGCCCCTTA AATATCCACA CACACAGGAA GCACAAAAGG300
AAGCACAGAG ATCCCTGGGA GAAATGCCCG GCCGCCATCT TGGGTACATCG ATGAGCCTC

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1482 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
20 hergestellte partielle cDNAs

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

35 cggggcgctc cggggaggcc aggacagctg atgttgtgc cagaacatc tcaaggtagc 60
tggtcggccc ccactcccc atctacctct tgcctcccc ccaacaccac caccaccctg120
gctccctcc ctcatgaccg cctggatctt cctgcctgtc agcctgtcag cgttctccat180
caactggcata tggactgtgc agcccaaggc tgcgtatgaac caccatgtat gcccctgtgga240
40 gaactggtcc tacaacgagt cctgcctcc tgaccctgct gagcaagggg gtcccaagac300
ctgctgcacc ctggacgatg tccccctat cagaagtgt ggctcctatc ccccaagaaag360
ctgcctcttc agcctcattt gcaacatgg tgcttcatg gtggccctga tctgcctcct420
gcgctacggg cagtcctgg agcagagtcg gcactcttgg gttaaacacca cggcaactat480
cacaggctgc accaacgctg cgggccttt ggtggttggc aactttcagg tggatcatgc540
45 caggtctctg cactacgtt gactggcgt ggcttccct gcggggctgc tctttgtttg600
cctgcactgt gctctctcc accaaggggc caccggcccg ctggacctgg ctgtggccta660
tctgcgaat gtgctggctg tcatgcctt tattaccctg gtcctcagtg gagtcttctt720
tgtccatgag agttctcagc tgcaacatgg ggcagccctg tgtgagtggg tgtgtgtcat780
50 cgatatcctc attttctatg gcaccttcag ctacgagttt gggcagttt cctcagacac840
actggtggt gcactgcagc ctacccctgg ccgggcctgc aagtccctccg ggagcagcag900
cacctccacc cacctcaact gtgcccccca gagcatcgct atgatctaag gtctggggag960
ggtggctggc ccggcctcca cagcacccca ccccatatct tctttccatt tatttcgtac1020
caaaaacaat ttgagaaag tattctgtt ggtctggc ttccctactt ctggagaagt1080

5 ggccatccca tgcccacctg tgccatggag gagtgggccc tgccagctgc cacagctgca 1140
tgacctgctt cccccacccca cggtgtcgtt ttgttttaa aggtcacctg tcctcactca 1200
cccaggcagc ctttcaggtg ctttctactc ccagtgcaca agccagacca ctggggttc 1260
ctgctgcagg aattggggc tggAACAGC agaggggata gaagtctgg 1320
tgggcacgcc ttagcctacg gaaaaaccca tttctggcc cactgagctg cactgggatt 1380
cttcactctg cccctcaact ctttagggc aaataacaca gcagaaccac gtgggtat 1440
tagtacttt ttttatatta aaaaaaaaaact aaattggcaa aa

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 316 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 15 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

35 gaaatccaaa caactgccat tgatttattc atttatttca caaatat 60
ccagcatgct ctgtgggtg ctgtgtgg gctgggggtg ccaggatgag aaacagccgt 120
gtggctgtgc tcttggcttc accagccaga cgagtgttgc ctttcaagg agaaaggact 180
cacaaggctt acacatttgc tgcctcaagt tttgccttt ctcaaataaa tctcacacat 240
40 ccaatctcct tggccat tagggatataatgaaat taatgaaatg aggaattgcc 300
taaaaactaag ggagtt

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 369 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SÉQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

cttcagccgc attcagcccc tacttacctg gggaccccggtt 60
20 gggggtaggg cccaaaggga tcagggaaag cctctggctt ggagggtatg gggcacgctt120
ccccaaagggc ggaccggca ggaggaagggc caggagctgg gtcctgccc ccaggagctg180
ggccctgcca cccaggccgg gctagggaca tggcagggcc tgggcatctt gacgctggac240
ttggggcggacc tgggaggac agggaggggga gagatgggcg ggccggccccc agcgcaagtgc300
25 cggccacacc catgcaccga agctcctccc tgccacgccc caaggcgggtt gccggagctt360
accgggggtt

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 591 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

ggcgcatccg agccatggcc cagcagggtt ttagctgg cacccagtgc tcaccaaaga 60
5 caccacaaa cttgaccac gtcagtcct gccagctcat tattgagctg ctcctgtatg120
aaaaaccaaa tggacacacc aagaaaagcg tgtctttcag ggaaattgtg gtgagcctgc180
tgtctcatca ggtgttactc cagaacttat atgacatctt gttagaagag tttgtcaaag240
gccccctcc tggagaggaa aagacgatac aagtgccaga agccaagctg gctggcttcc300
10 tcagatacat ctctatgcag aacttggcag tcatttcga cctgctgctg gactctata360
ggactgccag ggagtttgac accagccccg ggctgaagtg cctgctgaag aaagtgtctg420
gcattggggg cgccgccaac ctctaccgccc agtctgcgtat gagcttaac atttatttcc480
acgccttgtt gtgtgctgtt ctccaccaatc aagaaaccat cacggccgag caagtgaaga540
agtccttt tgaggacgac gagagaagca cggattctc ccagcagtgt t

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1631 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

gccccagcag gtctccgagc agccactggg acccgctca gcacatcctg gcctttgaaa 60
gtctgatatac ctgagaggag ggcagggtt agggccgag ttccagccag cgtccccagc120
45 ctggcttccc tgccatggac tcagtagctc gtggggcttc ttaccaccca ccagccccgc180
tgggtgcgg cctggctgtg ggcaaaggag gacttgcctg gagatttgag agaagattcc240
ttctaccagg gctgctgagg ggccaggcct gcatcagggg ctaggctctg gctggcccg300
gaggctgaga ctaaggctt cgaccctggt gcctccatgt ggatgctgcc tcagacaaag360
gcagtgagcc ttccctgcca aagtgcctt cccatgggct cggcctcaact ggtcaactgtt420
50 agcccatgaa cacgtgtggg ctcgggtcac gtggcttga gggcagtctg accaggctag480
accacacgtg ccgtgacagg ggggccatt ccctcgca gctctaattgt gcccacatgt540
agcctggcag tccaaagacc aagaatcaac ttgcaaattct gccattaaac tgctgtgc600
cttcaggcat atcactgcct tctctggcgt tcagtgccct ttcataacct agaagtctgc660
ggtctgaggc tctttgggtt cagacacact gttctaggct tctgtagggg accttgc720

ctgcccgtgcc cctcctccct gttctttct gtcctccccca ccccaccctc agaagctgct780
 tgctctgccc ccaggacagg agcttgcacgg atgaagtgc a gccagccacc caggtgccat840
 ttccagtcg acttccagaa atgtgcacca tgtccttagag cacagaccca ttggctggag900
 cctcctggga gggttcaaac catcagctc atgagaaaatg ccagaagg ctttgccac960
 5 tccatccgtc tgtggaggt gcctgcctcc ggggtggat gggtgtttc tcctccaatt1020
 cagacccaag aggttagcccc cgagggcatg tacctgggtt gaagcagctc aggtaccctt1080
 ggggggttgc gggcccttac gcaggtatt ctctctctc cctctctgg gtgcgtgtt1140
 gcgtgcgcgt gtgcgtgcct atgctttct ctgtgggcac atcaggatgc ccctcgagat200
 10 gcatgtgcac gtgtccccac ctgagcgagc gtgtgtgtt gtcctctgc gtcccaggtt1260
 tggacgtcta gggttgggtg tgccctgtt ctgcctccc tgagcccaca gggtcagtca1320
 atgtatctt tacgtgcctc tcctctgtt ttctctcaca gtgccccccg ctccagagct1380
 caggggttagg ggttctctg agggtgccagg ggatccttct catctctgg accctccagg1440
 15 gcactctggt ccctattccc cagctcttag gcagctgagc cgggtccctt aggggaggtt1500
 accaggagct ttggtgccagg gagctcttgg tggggcaaag ggctggaccc ctgcccagg1560
 tgtggacatg gttatatgcc cggggagagg ggggtgcagg gccccaggaa tggccccc1620
 tcccacctct g

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

- 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 844 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

tatttttttttttactgata tattgttagtt taataaaaaca tagtttatac agttcattga 60
 45 aaaagtattt taatacaaac accacttata caaaaacca aatgttgcata ttcttgggtt120
 taaaaattct tgatttctct aaaacactaa gatgttatct caatagagat tgcttcacat180
 tttccagttt cttgatctgt gcatgtcaca tgtaaaagatc catccctttt catagtaaga240
 acagctaata tatcacgtaa tccatttct ttttatcta aatcctggag tacaacctgt300
 gcaaacttgg tttcctcttt ggcagagttc ttcccatcag actcatagag ttcaaggcac360
 50 actgaagata tgcttcagg ggcttgcata gtgtgttgc ttgcagctgg caaaggagtc420
 cctgatggaa acagcactgt gaatctactg gtcctgtt cngtccacac ctttaactaa480
 aatatctctg gctgaacact ctatcataag agagtcttcc accaacaggt tttcttccc540
 aataagaatt cctgcttcta tagctgcacc aataggatc acttcatcag gagggataga600

attgagaagc tcaacagctg ggaaaagatc tttaatcagt tgctgttagct ttgggatcg660
agaagaccct ccacaaagga caaccttgg gatatcatct gctgtaaatc cattttgatc720
taagagtccct ctgattgctt ctatacactt attaaaaagt ggagaacaaa gaagttcaa780
tcttgctctg gacacattgc aatcaaaatc ttgacacctca tataatgagt caagaaaaca840
5 gttg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1563 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG; SEQ ID NO: 34:

aatgttagaga aagtggäctc atcccccaag cgttgtctgc ccccactctt tcctccctgg 60
gtccccccat tctttactg ggcagtcgag ggcattggag gggaaagtgac tgccctcagc120
35 ctçactccct ggggccatga agaaaaagcta aacagtctca tggcatctca gaataatgtt180
gggtctccca agaagaaaagg tgtaagaata acgacatggc tgattaggcg aggccaggt240
agggctaagg ccaggattcc tggctggcat ccagtccaccc cttctcccat ccttccccct300
cttcttccac aagtccgcag ccgagacact gtatgtctcc agccacagtg atgagtgccc360
tggagactcc actgacactt agatgaaggc ccctggccct gtttctgtt aattaacctc420
40 tgggtctttg agtccccag cacaacttc tttcctgtac cctgcggctt ggggtcacag480
ggcatgccgg gaagccacag ctgagggggcg cagactgaag cagtgtctca cctctccctc540
tttagctcag gggttgtctgg tctgtggcag ggcacacgg tggccccctgt ggctgttctc600
agtggcagtc tcttaagttc ccaccacagg cagctctta tccccctctcc ctacttgact660
ctttctcttg cctgtgtctt tggctctaaa caggcctgct ggtacgcctc agggcgtgag720
45 gctacactcc tgccctgcct ttccctgtctt catggctctgc cagggcatac cttggggagg780
tggaccaaag acccaggact ttttgcagta gccagtccta ccccccaagg gtctttttac840
caattcaggg tgggagagaa aactgcagca ccccagcatg tgagttactc aggtgttggg900
ggctagaagg gacagtgcgt taaaacaaca ctcagagctc tggccttaaa cctgtggccc960
50 cccaagtcta ggacgcctcat ctcttccctgg cagtcatgcg ggcaggaggt cctgaaagg1020
aaaacccatt cagacaactg ttccccaaatc taccagccat ctgcagggggt cagtgaccgt1080
ggccctctcc ctccctctaga atgtgccact tatgaagagt gccccatggg gaaaaggag1140
ctcagctgtc ctttggcagc ttgtgccagt atcccagggc agaagttcc acaggagcc1200
cttgcctctg cgcaagagcca ctgtgagagg cgggtggagc caacacccit gggggagggg1260

5 gcagtactgc tcggcacatc ccagcatcgag gtcagatcat tgaaattaaa aaatgtgaat1320
taagttcata tccacacctt ggggaagcgag gacaaaccac caccacca agtgtgtgac1380
ttctccatat cccactgcag ttccatttt ttaaatggga atttcaatc ccctgtgctt1440
gtctaacgtc tgctttaaaa agtttgagac cctgttactg tttgaaaatg catgcattt1500
acgatgaatc tccaacctga ggaaaaaaaaat aaaactcaa aagctttgtg taaaaaaaaaal560
aaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1557 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

35 ctacggtagc ccaggtagc cccatggccc cagcccc tac ccccaagggg gctaccacaca 60
gggtccctac ccccaagggg gctaccacaca gggccctac ccacaaggagg gctaccacaca 120
gggcccctac ccccaagggg gctaccccca gggccatat ccccaaggagg cttcgcccc 180
ccaaacccta tggacagcca caggctttcc cagacaa gca ccctgactca ccccaaggcatg 240
gaaactacca ggaggagggt ccccaatcc actatgacaa ccaggacttc cttgccacca 300
actggatga caagagcatc cgacaggcct tcattccgca ggtgttccca gtgtgac 360
40 tgcagctgtc ggtgaccctg tccacgggt ctgtgttccat ttttggcg gaggtgaagg 420
gctttgtccg ggagaatgtc tggacactat atgtctccat tgctgtcttc ttcatctctc 480
tcatctgtcct cagctgttgc gggacttcc ggcgaaagca cccctggAAC cttgttgcac 540
tgcagtcggc cctgaccgccc agcctgtcgt acatggtggg gatgatcgcc agcttctaca 600
acaccggaggc agtcatcatg ggcgtggca tcaccacage cgtctgcttc accgtcgta 660
45 tcttcctcat gcagaccgc tacgacttca cctcatgcat gggcggtc ctggtgagca 720
tggtggtgct cttcatcttc gccattcttcat gcatcttcat cccgaaaccgc atccctggaga 780
tcgtgtacgc ctcactggc gctctgctt tcacctgctt cctcgactg gacaccacgc 840
tgctgctggg gaacaagcag ctgtccctga gcccagaaga gtatgttt gctgcgtga 900
50 acctgtacac agacatcatc aacatcttcc tgtacatcct caccatcatt ggccgcgcca 960
aggatagcc gagctccagc tcgctgtgcc cgctcagggt gcaaggctgg cctggaccct 1020
gcccctggca cggcagtgca gctgtacttc ccctctctt tgtccccagg cacagcttag 1080
ggaaaaaggat gcctctctcc aaccctccctg tatgtacact gcaagataact ccatttggac 1140
ccgctgtggc cacagcatgg ccccttttagt cctccggccc cggccaaggg gcaccaaggc 1200

5 cacgtttccg tgccacacctc tgtctactca ttgttgcatt agccctgtct gccagccac1260
cccaggact gggggcagca ccaggtccccg gggagagggta ttgagccaag aggtgagggt1320
gcacgtcttc ctcctgtcc cagctccccca gcctggcgta gagcacccct cccctcccc1380
ccaccccccct ggagtgcgtc cctctggggta catgcggagt gggggctta tccctgtgct1440
gagccctgag ggcagagagg atggcatgtt tcagggagg gggaaagcctt cctctcaatt1500
tgttgcagt gaaattccaa taaatggat ttgctctctg caaaaaaaaaaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1381 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

agtactctga cacctccacc ctctacttta ttagaattgg aaggcaaatt ttgtccaaa 60
35 aacctacaga caagtacttt gagagaattt ccaatataat attagacata atgataattt120
tttccataact cagaatgaaa aactggatat tacgttttg ttttggggtt ttttgcata180
aatttagcta atagctacag gctgagagaa ttgtAACATA gcatgacaaa ttttgcgttg240
acttggaaagg aatcacacca ttattcctta gaagtaatta catgtgttct aacacattt300
agacagggtt ggactcccat ttctcatccg agaaattact taacccttcc tggcgctgta360
40 cagtcatctt ttattctatt tcctctttgc tggtagt agagacattt tgaatgaaac420
ttggcactgc ttgattcaaa actgtggaaa ccagatctgt ttagtctcct gtttgcata480
gtttgctaatt ggtagctaaa taaccagttt ttgtgtaaa tgcaccaatt ctgaaggcac540
tttatgtact acatggaggt catatctggt ttgttttta ttttttatac atgaacattt600
aatgtgatga tgatttctt tccctgcaca catcttccg gtgcataatc tatcaattgt660
45 gaatctggct gctgggttat aaaaacctgg atgtaaagct gagcctacag acctgtccctc720
accaactgtt ttgtgatttc tactcaacta caaagattt ttaatgtac tcttaatcta780
actgagttt gttaccaatg acctgttgc tgcttcaata ccgtgtactg cctgagttgt840
gcctcttgc tgcttagatta aaagtggagac agagacttga ttgatcctc tgagctcaag900
ctattgagct ggtatggca gaggactgag ggtacctgca cagttgatt cttttccacg960
50 tgtaagtctc cattgcagaa ttgtcgtgt ttgagaaaac acctgaggca gtgtggaggt1020
tgaacgaccc tgctgtccctt tttaacctgtt gttgtcctag accctgtcgg ggcagtcagg1080
ggacactaga gatttgatct catgcgagtc atcaatagga caaaaaagtt gtggttggg1140
gaggctgtt tgttacataa aaaggacctt tcgggtgtaag aaattgccgt ttttaccctg1200

ccctggctgg catgtgagaa gccatggaag gttgtggttt taaatgagtt gtctaaagggl260
gtgcagagggc ctgaggtttc taaaagaagg tagatttcta cagagcttag tggtggcc1320
tttttcttat tggttggaaa ttacctggta gtgatcagaa aacttagatg ctatgtact1380
a

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 615 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

30 gttgctccag tgtttggaaat aagaagactc atgttatct ctggagacct tgctggcagt 60
gctagccagg aaacagagtg accaaggac aagaaggac ttgcctaaag ccacccagca120
actcagcagc agaaccaga tggccccag gctcctccat atggcccagg gcttaccacc180
35 ctatcacacg tggccttgtc tagacccagt cctgagcagg ggagaggctc ttgagacctg240
atgccttcct acccacatgg ttctcccact gccctgtctg ctctgctgct acagagggc300
agggcctccc ccagcccacg cttaggaatg cttggccctct ggcaggcagg cagctgtacc360
caagctggtg ggcagggggc tggaggcac caggcctcag gaggagcccc atagtcccgc420
ctgcagcctg taaccatcggt ctggggccctg caaggcccac actcacgccc tttgggtgtat480
40 ggtcacggtg ggtgggtggg ggctgacccac agcttccagg ggactgtcac tttggacgccc540
aaaatggcat aactgagata aggtgaataa gtgacaaata aagccagttt tttacaaggt600
aaaaaaaaaaa aaaac

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 834 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

ccggaaccag aactggaaatc cgcccttacc gcttgctgcc aaaacagtgg gggctgaact 60
gacctctccc ctttgggaga gaaaaactgt ctggagctt gacaaaggca tgcaggagag120
aacaggagca gccacagcca ggagggagag ccttccccaa gcaaacaatc cagagcagct180
gtgcaaacaa cggtgtcataa atgaggcctc ctggaccatg aagcgagtcc tgagctgcgt240
cccgagccc acggtgtca tggctgccag agcgtctgc atgctgggc tggccctggc300
cttgctgtcc tccagctctg ctgaggagta cgtggccctg tctgcaaacc agtgtgcccgt360
gccagccaag gacaggggtgg actgcggcta ccccatgtc acccccaagg agtgcaacaa420
ccggggctgc tgctttgact ccaggatccc tggagtgcct tggtgtttca agcccctgca480
ggaaggagaa tgcacccctt gaggcaccc cagctgcccc cggccgggg atgcgaggct540
cggagcaccc ttgcccggct gtgattgctg ccaggcactg ttcatctcag ctttctgtc600
cctttgctcc cggcaagcgc ttctgctgaa agttcatatc tggagcctga tgtcttaacg660
aataaaaggta ccatgctcca cccgaggaca gttcttcgtg cctgagactt tctgaggttg720
tgctttatcc tgcgtgcgtc gtggacagcg ggagggtgtc agggagagt ctgcccaggc780
ctcaaggcga ggaaaagact ccctaaggag ctgcagtgc tgcaaggata tttt

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

35

(i) SEQUENZ-CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 997 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

tgcctctctg caatagacag ctactgtcaa tacatgctgt aatttgacat tctgggtcac 60
agatataagg tatttaaaat ctatttatgc tttatagaga aaccagacat taaaacttc 120
10 tgcactactt atttcgaatt actgtaccc ttccaaattt acaccttagct attaggatct 180
tcaacccagg taacaggaat aattctgtgg tttcatttt ctgtaaacaa ctgaaagaat 240
aatttagatca tattctagta tggctcgaaa tatctttaag actgatctt aaaactaact 300
tctaagatga tttcatcttc tcatacgata gagtttactt tgtacacgtt tgaaacccaac 360
tactgttagaa gatgaggaat ctattgtaa tttttgtttt attttcatct gccagtggac 420
15 ttatttgaaa ttttcacttt agtcaaatta ttttttgtat tagttttga tgcagacata 480
aaaatagcaa tcattttaaa ttgtcaaaaat ttccagatta ctggtaaaaa ttatttgaaa 540
acaaacttat gggtaataaaa ggctagtcag aaccctatac cataaagtgt agtaccata 600
cagattaata tggactcaaaa atgtatgctt gatatttctc aactgtgtt attttctgc 660
tgtattccag ctgaccaaaa caatattaaat aatgcattt tataaatggg tgctaattga 720
20 taatggaaat aatttagtaa tggactatac aggatgttaa taatgaagcc atatgttat 780
gtctggattt aaaaattttt aacaatcatt tactatgtca ttttttttta ctttgaagaa 840
cataaactgt tatttcactt ctacaaatca gcaagatatt atttatggca agaaatattc 900
cattgaaata ttgtgctgta acatggaaa gtgtaaatgt ttttcatggt ttctatcaat 960
gtgaaataaaa atttaattct gaaaaaaaaa agaaaga
25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 548 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN: -----

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

caaacagctg gggcccaaga tcgtcatcgat gagcaagatg atgaaggacg tggctttctt 60

cctcttcttc ctcgcgtgtg gctggtagcc tatggcgtgg ccacggaggg gctcctgagg 120
ccacggaca gtgacttccc aagtatcctg cgccgcgtct tctaccgtcc ctacctgcag 180
atcttcgggc agattcccc a gaggacatg gacgtggccc tcatggagca cagcaactgc 240
5 tcgtcgagc ccggcttctg ggacacaccct cctggggccc aggcccac ctgcgtctcc 300
cagtatgcc a ctggctgtt ggtgctgctc ctcgtcatct tcctgctcg tggcaacatc 360
ctgctggtca acttgctcat tgccatgttc agttacacat tcggcaaagt acagggcaac 420
agcgatctc actggaaaggc gcagggttacc gcctcatccg ggaattccac tctcggcccg 480
cgctggcccc gcccattatc gtcatctccc acttgccct cctgctcagg caattgtgca 540
10 ggcgagcc

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1448 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

gtatttcgtg agaagttcaa cacaaaaact ggaacatagt tctccttcaa gtgtggcga 60
cacggcgct tcctgattct ggaatataac ttttgtaaa ttaacagcca cctatagaag 120
40 agtccatctg ctgtgaagga gagacagaga actctgggtt ccgtcgctt gtccacgtgc 180
tgtaccaagt gctgggccca gcctgttacc tttctcaact gaaaagtctg gctaattgtc 240
tttgttagtc acttctgatt ctgacaatca atcaatcaat ggcctagagc actgactgtt 300
aacacaaacg tcactagcaa agtagcaaca gctttaagtc taaataaaaa gctgttctgt 360
gtgagaattt tttaaaaggc tacttgtata ataacccttg tcattttaa tgtacaaaac 420
gctattaagt ggcttagaat ttgaacattt gtgtcttta ttactttgc ttgtgtgtg 480
45 ggcaaaagcaa catttccct aaatatataa tccaagaaaa agcaagaagc agattaggtt 540
tttgacaaaa caaacaggcc aaaagggggc tgacctggag cagagcatgg tgagaggcaa 600
ggcatgagag ggcaagttt ttgtggacag atctgtgcct actttattac tggagaaaa 660
gaaaacaaag ttcatgtatc tcgaaggata tatacagtgt tagaaattag gactgttag 720
aaaaacagga atacaatggt ttgtttatc atagtgtaca catttagctt gtggtaatg 780
50 actcacaaaa ctgattttaa aatcaagttt atgtgaattt tgaaaattac tacttaatcc 840
taattcaca taacaatggc attaaggtt gactttagtt ggttcttagt attatttatg 900
gtaaataggc tcttaccact tgcaaataac tggccacatc attaatgact gacttcccag 960
taaggctctc taagggtaa gtaggaggat ccacaggatt tgagatgcta aggccccagal020

gatcgttga tccaaaccctc ttatttttag agggaaaaat ggggcctaga agttacagag 1080
catctagctg gtgcgctggc acccctggcc tcacacagac tcccggactac 1140
aggcacacag tcactgaagc aggcctgtt tgcaattcac gttgccaccc ccaactaaal 200
5 cattcttcat atgtgatgtc cttagtcact aagttaaac tttcccaccc agaaaaggca 1260
acttagataa aatcttagag tactttcata ctcttctaag tcctcttcca gcctcaacttt 1320
gagtccctcct tggggttgat aggaatttc tcttgctttc tcaataaaagt ctcttattcat 1380
ctcatgttta atttgtacgc atagaattgc tgagaaataa aatgttctgt tcaactaaal 440
aaaaaaaaa

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1163 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

ctcgggcaag tgcttcagcc tggggagag tcggaagaga tgcacgggtc ctggaagaga 60
cctcacactg atccccaggg tccaagcatc tcttccgact ctcgggcaag tgcttcagcc 120
40 tggggagtc cacgtgagtg cagggtgggt gcgagggtgg gctggggcgc agctgcggac 180
cccccttcatg ccatctgtgt ccccaaggtac aagtatgagt tctggccgtt ccacaacgtg 240
acccagcacg agcagacctt ccgctggAAC gcctacagtgg gatccctcgg catctggcac 300
gagtggaga tcgccaacaa cacttcacg ggcatgtgg tgaggacgg tgacgcctgc 360
cgttcccgga gccggcagag caaggtggag ctggcgtgtg gaaaaagcaa ccggctggcc 420
catgtgtccg agccgagcac ctgcgtctac ggcgtgacgt tcgagacccc cctcgctgc 480
45 cacccccacg cttgtctagt gtacccaacc ctgcgtggagg ccctgcagcg gcagtggac 540
caggtagacg aggacctggc cgatgagctg atcacccccc agggccatga gaagttgtg 600
aggacacttt ttgaggatgc tggctactta aagaccccaag aagaaaatga acccaccac 660
ctggagggag gtcctgacag cttgggggtt gagaccctgg aaaactgcacg gaaggctcat 720
50 aaagaactct caaaggagat caaaaggctg aaaggtttgc tcacccagca cggcatcccc 780
tacacgagggc ccacagaaac ttccaaacttgc gagcacttgg gccacgagac gcccagagcc 840
aagtctccag agcagctgcg gggtgaccca ggactgcgtg ggagttgtg accttgtgt 900
gggagagcag aggtggacgc ggccgagagc cctacagaga agctggctgg taggaccgc 960
aggaaccacg tgaccaggct tgtgctcaga gaagcagaca aaacaaagat tcaaggttt 1020

aattaattcc catactgata aaaataactc catgaattcc tgtaaaccat tgcataaatg1080
tctatagtgt aaaaaaattt aaacaagtgt taacttaaa cagttcgct acaagtaat1140
gattataaat actaaaaaaaaaaa aaa

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 906 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

cgaggaccgg ctttgcgagc ggcgacacta taaaatggcg cgtgctgcaa cccgcgcccc 60
cttcggagag agaaatgctg ggggtgcagct tcaagcttag gaccacccac catgccttatc120
caggtgctga agggcctgac catcaactcat taagaacaga ggaggctgccc tgtaactcct180
25 ggtgttgcac ccctccagac actctgtgt ttccctgccta ggcgtggctg cagccatggc240
taggaaaagcg ctgccaccca cccacacctggg ccagagctgg ttctgctcct gctgcaggga300
cactgagctg gctatctcg cgcttcgggc aagaactgca acagagctctc ctgggtccctg360
caggtgtaca gccggggcccc tgccttgc ctcagctctc gagagctgct gctgccgggt420
40 gacctgatcc aacctgataa ggtgccatct tcagctacca ctgcaaggcc ctgagggcaa480
cagcagcacg gcactgcccc cccggctgt gatggcctgg tgccagctgg gagtcctcccc540
ggcacttcga ggccactgag ccacccttcc agccccagcc caccatggac aggggtatcc600
agcttcctcc tcaacctcgt cctctgc(ccc tgagccagtg acgccccagg acatgcctgt660
tacccaggc tcgtacaagg actagctgtt aaaggccatg acagtgctgg aggccgtctt720
ggagatccag gccatcactg gcagcaggct gctctccatg gtgcaggc cccggcc780
45 accaggctca tgctggacc caacccagtg cacaaggact tggctgctga gccacacacc840
caggagaagg tggataagtg ggctaccaag ggcttcctgc aggcttaggg aggagccacc900
ccgctt

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1222 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(ii) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

tattagatat ggcagaaaaa ccatttccac tatgcaaagt tcttttagac gtcagtgaaa 60
atcaactctc atacctcatg gtctctctt aattgaccaa aacctccat ttttctcta120
atacaaagcg atctgtgttc tgagcaacct ttccccgaac acacagcttc agtgcagcac180
gctgacctga gtatccacca tggccaggc acagtgtgg gcacacgagg caccaggc240
cgggcccacct gcccgcagca aggcccagt gaggtggtgg agggagcccc tgaggtcagg300
ggccgttgc gttcagggtg gcaggtgtcc agcactgggg tatggcgtcg aggcttccat360
gggggtgggg aggccagctt cttcttgaca ggatggcgc atacagtgcc tggtgtgatt420
tgtgcacaac ccgtgttcca ggtgcacatc ctcccaagga gacacccaga cccttcagc480
acggggccggc caagttgtg cgccggaggc agcatttcag ctgtgaggaa ggtcatttga540
ttcatgtgtt ttatctgtaa aaatggttgt cttaacttct taacctcata ttggtaagtg600
attgataaaa attgggttgtt gtttcatgac atgtggactt ctttggaaat agcaagtcaa660
atgtagtgac caaattgtgg aagagatttc tgtcaaatag gaaatgtgt a gttcgtcta720
aaagctgatg gttatgtaaat ttgctcaggc actcagatga cagcagattc tgggttctgg780
gagtgttctg tgcctcttac atgcccctgaa ggcctcatgg tctcaatgtc gaggcggcac840
acctgttagca cacctgctgta atgtgcggc tggccagtc acaaggaatt gtgttgtcta900
agccaaaggg ggaagctgac tgtgatttac caaaaaaaaaat tctgttaattc aaacccaaat960
gtctgcggaa tcaccagttt gatactctt gtaatcagaa cagtgggcag tgcctgggtg1020
aacgtgtcta gcagccactg tgcgggatcg ctgtAACAGG agtggaaatgt acatatttat1080
ttactttct aactgctcca acagccaaat gccttttta tgaccattgt attcagttca1140
ttaccaaaga aatgtttgca ctttgtaatg atgcctttca gttcaaataa atgggtcaca1200
tttcaatg gaaaaaaaaa aa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 649 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

20 agatattatg gatggtaag ggaatggat agaattggag agattatctt actgaacacc 60
tgtagtccca gctttctctg gaagtgggtgg tatttgagca ggatgtgcac aaggcaattg120
aaatgcccat aatttagtttc tcagcttga atacactata aactcagtgg ctgaaggagg180
aataattttaga aggaagctac taaaagatct aatttgaaaa actacaaaag cattaactaa240
aaaagtttat ttcccttttgc tctgggcagt agtggaaata actactcaca acattcacta300
25 tgtttgcgag ggattaaacac aaataaaaaga tgccttttta cttaaacacc aagacagaga360
acttgcccaa tactgagaag caacttccac tagagaggga actgttaaat gtttcaacc420
cagttcatct ggtggatgtt tttgcaggtt actctgagaa ttttgcattt gaaaaatcat480
tatttttagt gtagttcaca ataatgtatt gaacataactt ctaatcaaag gtgctatgtc540
cttgtgtatg gtactaaatg tgtcctgtgt actttgcac aactgagaat cctgcagctt600
ggttaatga gtgtgtcat gaaataaata atggaggaat tgtcaaaaaa

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1226 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

5 cccaaactcca cccagggatc ctgggtgtacg ggctgacctg ttatgcttt ctgcgccttcg 60
gccccttggg gagccacggc gggaggtgga gatccacccg cgatatgtgg cccagtcgt120
ccagctctt attctctact tcttcaaccc ggcctgtctt tccacttacc tgccccaggaa180
taccctcaaa ctgctccctc tgctcaactgg tctcttgcc gtctcccggc tgatctactg240
10 gctgaccttt gccgtgggcc gctccttccg aggcttcggc tacggcctga cgtttctgcc300
actgctgtcg atgctgatgt ggaacctcta ctacatgttc gtgggtggagc cggagcgcata360
gctcactgcc accgagagac gcctggacta cccggaccac gcccgcctcg cetcgcacta420
caggccccgc ccctggggct gaggctctcc gcccctcgccc tcggagtagg gggtagcggc480
ttgggtctga cacatcttg aaccttggg ccaggcctgg acttcgcggc caggcctagg540
15 accgcgggtgg gtggaaaccct gctactgccc caacaggac tccaatcaat cggagttctc600
cccttgcggc agctgcctt caccttggg gcccggagaca gtcataaggg atggacttag660
ttttcttgca gggaaaaagg tgacagacg tgtttcttaa ggtatgttag ggcatggggc720
caggaccagg ggagaggcac agtccttcc tgagcagcct ctcaccactg ccacaaggct780
20 ccctaattgtt ggtctctgtt ccactccccc gcttcccgtg aggcaaggagg cagagccaca840
gccaaggccc tgaccacttc tggccagggt gtctaaggac agcgcctcag ggacgcttggaa900
aatgccttaa ggatagaaggc tggcatcac atcaaattggg actgttgtgt ttgggtaaaa960
ccttcctgag gatctggatt caggaccctc catgactggc ctattactg ttacagctg1020
25 gccagtgcag agctgctgtt cttttaccc tttagggcccc tggtaacttcc cacctttaaa1080
ctgcccagaa ggcatgcctc tcccacagga agaggggagc agacaggaa atctgcctac1140
caagaggggt gtgtgtgtt ttgtgcccac acgtgggtggc tgggagtagc ctggatgggtg1200
cggtgggtga tggtaaccta gtgtgt

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1036 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

aactgatatt gggaaagttt gttgagggtc aagtgtact cttccagag ccacaggtag 60
5 gggaggtgta agttgagggg gaggaaagct ggaaggactc tgccttggga gattcccgac120
tctgcttcc agcgcttggt ggaatctggg ctggggaaag acggcaccgg gaaactctgc180
ttccccattt tttccatctg atcagctgt gtgtgaggac ttctcagaca aaggcaaggc240
ctcggtcccc tgcccagccc attcatggag ccctgggcct tcttggcttc catagatcct300
10 aagctcttga ctgttagttt gccagactt gtttgcatac ttataaggcag ttcaagaattt360
ggaaatgctg gtttgaaga gcaaaggaca ggttgtctag agagggtcgt ctggcctgct420
tgctgggtct ttgttaaccca gcacttcctc ttggccctct ggctttatgt ttatggggag480
aggactcaat agctccaccc cttctggcac cagatggggc ttggtagtt tgcaataagc540
accttgcaga ggttaaagcc agcggttccc tagtcttagg cccagcctgc ttgtgtggc600
15 tctggcttgg cctgggtggct ggcccagggg gcagcagtgc ttagagcttc tgcagggctt660
ctcttggta cacagctgca tcagacaat ccatttctcc ccaccacggg accttcac720
taagatttct tccaggaaat gccagcaatc aggagcaac cagctgtggg ggcagtgggg780
tggggagac ccacattgt gactttttt ttttcttttta atgaagaaa accaaagaaa840
gctgtggaaa ggacctgccc cacatgaaaa ggataagcca agatggctgt aaacacagag900
20 catggagct gccacttgc gggcacattt attttcaaa agccagctct gtcagggaaag960
gaggtgtctgt tatgagcagc tcttccagtg ggcaaagagg acgccataa tttttccat1020
tgctagctca tctgtg

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 758 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 30 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

40 (v) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vi) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA-library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

50 CGGCACGAGC TCCCATGGGA CCTAGGTTTC AGCGGCCGCT GCGATGACCA AAATAAAGGC 60
AGATCCCGAC GGGCCCGAGG CTCAGGGGGA GGGGTGTTCC GGGGAGCGCA CCTACCAGGA120
GCTGCTGGTC AACCAGAACCC CATCGCGCA GCCCTGGCTT CTCGCCGCCT CACGCAGGAAG180
CTCTACAAAT GCATCAAGAA AGCGGTGAAG CAGAAGCAGA TTGGCGCGGG GGTGAAAGAG240

5 GTTCAGAAAT TTGTCAACAA AGGAGAAAAA GGGATCATGG TTTGGCAGG AGACACACTG300
CCCATTGAGG TATACTGCCA TCTCCCAGTC ATGTGTGAGG ACCGAAATT GCCCTATGTC360
TATATCCCT CTAAGACGGA CCTGGGTGCA GCCGCAGGTC CAAGCGCCC ACCTGTGTGA420
TAATGGTCAA GCCCCATGAG GAGTACCAAGG AGGCTTACGA TGAGTGCCTG GAGGAGGTGC480
10 AGTCCCTGCC CCTACCCTA TGAGGGGCTC CGGTAGCACC TGGGCACCTG CCGCTGGAAG540
CTATTGGGCT GGCAGCAGGA CGACTGGCTG TCCTCCTGCC CACCCACACT GACGGCATCT600
TCCCAGTTCC CCAAGGCACG CCTTCTTCCC AGGCAGCTCT AACAGCCCTT TCATGAAGGT660
AATGCTAGTC TTCTGTCCAT CAGTGCCATT TCCTGTAGAA CTAAAGGCTG TTCCAAGAAT720
GTGGGGTGGG GAAAGTAAAT GCTAAGACTA AAAAAAAA

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

MVVEVPRWSN AKMEIATKDP LNPIKQDVKK GKLRYVANLF PYKGYIWNYG AIPQTWEDPG 60
HNDKHTGCCG DNDPIDVCEI GSKVCARGEI IGVKVLGILA MIDEGETDWK VIAINVDDPD120
AANYNDINDV KRLKPGYLEA TVDWFRRYKV PDGKPENÉFA FNAÉFKDKDF AIDI IKSTHD180
35 HWKALVTKKT NGKGISMNT TLSESPFKCD PDAARAIVDA LPPP CESACT VPTDVKWFH240
HQKN

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40

- (A) LÄNGE: 234 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

5 MEYTLDLQLE ALTPQGGRRP LTRRVQLLRP LSRVEILPVP YVTEASRLT VLLPLAAAERD 60
LAPGFLEAFA TAALEPGDAA AALTLLLYE PRQAQRVAHA DVFAPVKAH VAELEERRFGA120
RVPWLSVQTA APSPLRLMDL LSKKHPLDTL FLLAGPDTVL TPDFLNRCR MHAISGWQAFF180
PMHFQAFHPA VAPPQGPGLPP ELGRDTGRFD RQAASEACFY NSDNGSPWA PGGS

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

30

RNLLHLPLAI VERQLRYCAE WTLLMAYPTS ILYSLYSDGP RIRLWNLPLP HMPLGS

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60:

VQGSSRSRLV SRAEFGSSGS SFEESQETMK RQLGRLLLLR RVLDPLLCDF LDSQDGSGLC 60
FCFRWLLIWF KREFPFPDVL RLWEVLWTGL PGPNLHLLVA CAILDMERDT LMLSGFGSNE120
ILKHINELTM

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61:

25 HKYGYKLQVS AFLNGNGSGE GTHLSLYIRV LPGAFDNLLE WPFARRVTFS LLDQSDPGLA 60
KPQHVTETFH PDPNWKNFQK PGTWRGSLDE SSLGFGYPKF ISHQDIRKRN YVRDDAVFIR120
AAVELPRKIL S

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64:

SPKVQNHRCP QAPKKGRANP RMTAQPAPSY RQQHSHPGGP RPSLGTVGPP NAETDITANT 60
50 HHLQGMQKPS SKISTKIN

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 314 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66:

VIFYLYNKVY LHGSFDFDPS QQRHCTSASS RFGSSLPVPY VTEASRLTVL LPLAAAERDL 60
APGFLEAFAT AALEPGDAAA ALTLLLLYEP RQAQRVAHAD VFAPVKAHVA ELERRFPGAR120
VPWLSVQTAAP SPLLRLMDILL SKKHPLDTLF LLAGPDVTLT PDFLNRCRMH AISGWQAFFP180
MHFQAFHPAV APPQGPGPPE LGRDTGRFDR QAASEACFYN SDYVAARGRL AAASEQEEEL240
25 LESLDVYELF LHFSSLHVLR AVEPALLQRY RAQTCARLS EDLYHRCLQS VLEGLGSRTQ300
LAMLLFEQEQ GNST

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67:

KQASLAAWRS KRPVSRPSSG GPGPCGGATA GWKAWKCMGK KACQPEMACM RQRFRKSGVS 60
TVSGPASRNS VSSGCFLESR SMRRSSEGAA VCTLSHGTRA PGKRRSSSAT WALTGAKTSA120
50 WATRWAWRGS YSSSRVRAAA ASPGSSAAVA KASKKPGARS RSAAARGSST VRREASVT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

5

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 20 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68:

PPSSLSFGPH HPSSMVTAMG

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 21 Aminosäuren
30 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70:

45

LGETHEGTRP RRVAVHPGAW E

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71:

20

DGPSTGLVRC LGHANVGDLR LRLPAFPKPS PTYLRTSAEQ TLPLLLPHLH GLCLHQPLHL 60
GFTACLGSAG ILGGQPALPA VPEPYAGHCQ RPLAGTPHHS CHVGPANRGE GARPGWGTR120
QPPGSRSLPP AAREGPQVQC SPPEFLPLPW AVLSLQSGLR PEQWALSRW P CPGNKEPLAW180
ALHANKCFFR NGKKKKKN

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

25

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73:

NLVYFSFLWV VSVANKMDVS VFELVNSDCF

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

50.

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74:

15 NNHQVTLLQK RNLRMGLFSK REVSCVNNNN FIYLIWASPY LE

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20 (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75:

35 KIQKLQKPTV DIEEPIYTMG QQSSVRRLKR SVP CESNEAN EANEANKTMP ETPTGDSDPQ 60
PAPKKMKTSE SSTILVVRYR RNVKRTSPEE RVNDHAREN R INPDQWRR

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 GPACHFPAPE FKQKEECTIR GRSLIRMSIQ GTPGTSPTPS RPWWTTFRDM WKMGRTSCSW 60
PC

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO77:

SAQTRSCSCA ETRSSARPWW PPCAPSPPSC WRPWATATT MASTRRAAAT PAASGWSRWR 60
PRASCCTASP CSRERQ.

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78:

5 QDDLSRLRHR HDGGHRDVGC GPGQIPPHVL QPAGQQ

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 167 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79:

GQLGPLLHGP PPPQGRQDQL LVAVRPGLHH WRAPGHLARH THLFQEAEVY RCGSHQAAEQ 60
ELILPDGVLIH GGPEQHEGHP LLCQRHFPV PVLPPPAPLR PDSGDTLEGGL PLPPGLKQL120
30 HNKLGWVLSM SCSRRKVQCP IPRQRPPPPTP AVASLGPARG SAAAGPD

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80:

AECLNTCLAI RKLFLQPPFP NTPLKTFLFH SITQFHLSW TTALRQGFQP FVYYYSFKPSQ 60
TCYYKQHSKI RNLIMALPVT NPPMVITFRT NLHSEKV

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 151 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

25 LRKIPHFRSP RHRSHLPAPR WVLAPAPVWQ GPGSVGARSRR RRRHGVSTSL IRETPFTKAM 60
EVEAAEARSP APGYKRSGRR YKCLSCTKTF PNAPRAARHA ATHGPADCSE EVAEVKPKPE120
TEAKAEEASG EKVSRSDAKP RPLSVSAMPO G

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

50 RLIDDPWRWP GISPRDLCAS FCASCVCAGYL KGLEMCKNMS LLRHIVILL FLVMLIISIS 60
ADVWPQMVKAAFLISHLCI IRSFPPCRSS WSPSAAATQI SPLFF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 304 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

WLCQKHLKVA GPPPLPHLPL VLPPTPPPW LPSSLMTAWIL LPVSLSAFSI TGIWTVQPKA 60
VMNHHVCPVE NWSYNESCPP DPSEQGGPKT CCTLDVDPLI SKCGSYPPES CLFSLIGNMG120
AFMVALICLL RYQQLLEQSR HSIVVNTTALI TGCTNAAGLL VGNFQVDHAR SLHYVGAGVA180
25 FPAGLLFVCL HCALSYQGAT APLDLAVAYL RSVLAVIAIFI TLVLSGVFFV HESSQLQHGA240
ALCEWCVID ILIFYGTFSY EFGAVSSDTL VAALQPTPGR ACKSSGSSST STHLNCAPIES300
IAM

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

MCKPCESFLL AKATLVWLVK PRAQPHGCFS SWHPQPQHST PQSMLDAFSK YL

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

20 APATALGRGR EELRCMGVAG TALGRARPSL PSLCLPGRPS PASGCPGPAM SLARPGWQGP 60
APGRQDPAPG LPPAGSALGE ACPIPSRPEA SPDPFGPYPP GTLVPQPGSP GK

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 192 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

40 MAQQVFMLDT QCSPKTPNNF DHAQSCQLII ELPPDEKPNG HTKKSVSFRE IVVSLLSHQV 60
45 LLQNLKYDILL EEFVKGPSPG EEKTIQVPEA KLAGFLRYIS MQNLAVIFDL LLDTSYRTARE120
FDTSPGLKCL LKKVSGIGGA ANLYRQSAMS FNIYFHALVC AVLTNQETIT AEQVKVLFE180
DDERSTDSSQ QC

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 34 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

PCPQTWQGSS PLPHQELPAP KLLVTSPKGP GSAA

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

TLPGGSSQWV-CALGHGAHFW-KSDWKWHLGG-WLHFIRQAPV-LGAEQAASEG-GVGRTEKNRE_60
EGHGGRSGGPL_QKPRTVCLNP_KSLRPQTSRY_EKDTEAQRRQ

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

NVEKVVDSSPK RCLPPLFPPW VPPFFYWave GIGGEVTALS LTPWGHEEKL NSLMASQNNV 60
GSPKKKGVR TTWLIRRGQD RAKARIPGWH PVTPSPILPP LLPQVRSRDT VVSQPQ

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: - 321 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

40 TVSQGSPMAP APTPKGATHR VPTPKGATHR APTHKRATHR APTPKGATPR GHIPRAPSAP 60
NPYGQPQVFP QGDQDPSPQHG NYQESEGPPSY YDNQDFPATN WDDKSIRQAF IRKVFLVLTL 120
QLSVTLLSTVS VFTFVAEVKG FVRENWTYY VSYAVFFFSL IVLSCCGDFR RKHPWNLVAL 180
QSVLTASLSY MVGMIASFYN TEAVIMAVGI TTAVCFTVVI FSMQTRYDFT SCMGVLLVSM 240
VVLFIFAILC IFIRNRILEI VYASLGALLF TCFLAVDTQL LLGNKQLSLS PEEYVFAALN 300
LYTDIINIFL YILTIIGRAK E 321

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

- (C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

25 YSDTSTLYFI RIGRQIFVQK PTDKYFERIS NIILDIMIIF SILRMKNWIL RFCFGVFLYK 60
FS 62

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

MAARALCMLG LVLALLSSSS AEEYVGLSAN QCAVPAKDRV DCGYPHVTPK ECNNRGCCFD 60
SRIPGPWCF KPLQEAEACTF

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

MSGFKNFKQS FTMSFFFFTLK NINCYFTSTN QQDIIYGKKY SIEILCCNMG KCKCFSWFLS 60
M

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

MHYLFTRITVP YPNLHLAIRI FNPGNRNNSV VSFFCKQLKE

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

MARNIPLKYC AVTWESVNPF HGFYQCEIKF NSEKKKK

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

MKIKQKITID SSSSTVVGFK RVQSKLYTMR R

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

MIAIFMSASK TNTKNNLTKV KISNKSTGR

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

25

MDVALMEHSN CSSEPGFWAH PPGAQAGTCV SQYANWLVVL LLVIFLLVAN ILLVNLLIAM 60
FSYTFGKVQG NSDLYWKAQV TASSGNSTLG PRWPRPLSSS PTCASCSGNC AGE

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

MPTGWWCCSS SSSCSWPTSC WSTCSLPCSV THSAKYRATA ISTGRRRLPP HPGIPLSARA 60
GPALYRHLPL APPAQAIQQA S

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

MAMSKLTSRM LATSRKMTRS STTSQSLAYWE TQVPAWAPGG CAQKPGSDEQ LLCSMRATSM 60
SSWGICPKIC R

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

45 MLRPQRSFDP TLIFSEGKMG PRSYRASSWC AGTPGLTQTP E

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

MNRDFIEKAR ENSYQPQGGL KVRLEEDLEE YESTLRFYLS CLFWVGKFNL SD

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

MNFVFFYSSN KVGTDLSTTN LPSHALPLTM LCSRSAPFWP VCFVKNLICF LLFLVIYI

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 296 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

LGQVLQPGGE SEEMHGSWKR PHTDPQG PSI SSDSRASASA WWSPRECRVG ARVGWGAAAD 60
PPHAICVP RY KYEFCPFHNV TQHEQTFRWN AYSGILGIWH EWEIANNTFT GMWMRDGDAC120
RSRSRQSKVE LACGKS NRLA HVSEPSTCVY ALTFETPLVC HPHALLVYPT LPEALQRQWD180
15 QVEQDLADEL ITPQGHEKLL RTLFEDAGYL KTPEENEPTQ LEGGPDSLGF ETLENCRKAH240
KELSKEIKRL KGLLTQHGIP YTRPTETS NL EHLGHETPRA KSPEQLRGDP GLRGSL

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

40

IFLHYRHLCN GLQEFMELFL SVWELIKTLN LCFVCFSEHK PGQLVPAGPT SQLLCRALGR 60
VHLCSPTRRS QTPTQS WVTP QLLWRLGSGR LVAQVLQVGS FCGPRVGDAV LGEQTQFD120
LL

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 126 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

QGVGVADEGG LERQRVDAGA RLGHMGQPVA FSTRQLHLAL PAPGTAGVTV PHPHAREGVV 60
GDLPLVPDAE DPTVGVPAGE LLVLGHVVER AELILVPGDT DGMRGVRSCA PAHPRTHPAL120
TWTPPG

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

MARKALPPTH LGQSWFCSCC RDTELAISAL RARTATGSPG SCRCTAGPLP CASALESCCCC 60
RVT

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

10 MTVLEAVLEI QAITGSRLLS MVPGPARPPG SCWDPTQCTR TWLLSHTPRR RWISGLPRAS 60
CRLGEE

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
20 (C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

MLGCSFKLRT THHAYPGAEG PDHHSLRTEE AACYSWCCIP PDTLLFPA

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
40 (C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

MSLGVTGSGA EDEVEEEAGY PCPWWAGAGR VAQWPRSAGR TPSWHQAIS RVGSAVLLLP 60
SGPCSG

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

30 MAAATPRQET AECLEGCNTR SNRQPPLFLM SDGQALQHLD RHGGWS

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

MVRPFSTWIG MVGGPKLEAA PQHFSLRSGR GLQHAPFYSV AARKAGP

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) Strang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

25

MVGWGWKGGS VASKCREDSQ LAPGHQQPGG QCRAAVALRA LQW

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 158 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) Strang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

IQSDLCLSEQP FPEHTASVQH ADLSIHHPG TVLGTRGTV RATCPQQGPA EVVEGAPEVR 60
GRFGSGWQVS STGVWRGGH GVGEASFLLT GWAHTVPGVI CAQPVFQVHI LPRRHPDPSS120
TGRPSCCGGG SISAVRKVIG FMCFICKNGC LNFLTSYW

50

IQS DLCSEQP FPEHTASVQH ADLSIHHVPG TVLGTRGTV RATCPQQGPA EVVEGAPEV 60
GRFGSGWQVS STGVWRGGFH GVGEASFLLT GWAHTVPGVI CAQPVFQVHI LPRRHDPSS120
TGRPSCCGGG SISAVRKVIG FMCFICKNGC LNFLTSYW

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

25

MCQAQCWAHE APRSGPPARS KAQLRWWREP LRSGAVSVQG GRCPALGYGV EASMGWGRPA 60
SF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

MASRLPWGGG GQLPSDRMGA YSAWCDLCTT RVPGAHPKKE TPRPFQHGPA KLLRRRQHFS 60
CEE GHWIHV F YL

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

20 MNPMFLTAE MLPPPQQLGR PVLEGSGCLL GRMCTWNTGC AQITPGTVCA HPVRRKLASP 60
TPWKPRRHTP VLDTCHEPK RPLTSGAPST TSAGPCCGQV ARTLVPRVPS TVPGTWWILR120
SACCTEAVCS GKGCSEHRSI CI

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 26 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

40 MFSTQFIWWM FLQVTLRILL MKNHYF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

15 MPFYLNKTKE NLPNTEKQLP LERELLNVFN PVHLVDVFAG YSENFAYEKS LFLV

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

MGISIALCTS CSNTTTSRES WDYRCSV

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

MNTLIKPSCHR ILSCAKVHRT HLVPYTRT

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

MLFCPSALWG ATAGGGDPPA ICGPVGPALY SLLLQPGRAF HLPAPGYPQT APSAHWSLCR 60
LPADILLADLC RGPLLPRRL RPDVSATAVD ADVEPLLHVR GGAGAHAHCH REPPGLPGPR120
PLGLRLQAPP LGLSLSALAL GVGGSGLGLT HL

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

5 MTGLFTVYSW PVQSCCSFTF LGPCNFPPLN CPEGMPLPQE EGSRQGNLPT KRGVCVFVPT
RGGWGVPGWC GG

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- 10 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

25 MDLVFLQGKR WTAVFLKDAE GMGPGPGERH SSFLSSLSPL PQGSIMLVSA PLPGFP

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- 30 (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

MPAIRQHPAV GAVGWGRPTL MTFFFNFNEE TPKKAVERTC PT

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- 25 (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

40

MKRISODGCK HRAFELPLLE HIDFSKASSV RKGGAVMSSS SSGQRGRP

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

45

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

10 MLCVYSHLGL SFSCGAGPFH SFLWCFFIKR KKKSHQCGSP PPHCPHSWVL PDCWHSLEEI 60
LDGRFRGGEK WHCLMQLCKQ EKPCRSSKHC CPLGQPPGQA RAHTSRLGLR LGTRWL

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzeln

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

MEAKKAQGSM NGLGRGTRPC LCLRSPTTA DQMETMGKQS FPVPSFPSPD STKRWKAELG 60
ISQGRVLPAF LPLNFTLPYL WLWKESHNLN NQTSQYQ

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

40 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

5 RHELPWDLGF SGRCDDQNKG RSRRARGSGG GVFRGAHLPG AAGQPEPHRA ALASRRLTRK 60
LYKCIKKAVK QKQIRRGVKE VQKFVNKGKEK GIMVLAGDTL PIEVYCHLPV MCEDRNLPYV120
YIPSKTDLGA AAGPSAPPV

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

- 25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

30 WSSPMRSTRR LTMSAWRRCS PCPYPYEGLR

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

- 35 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

50

HLGTCRWKLL GWQQDDWLSS CPPTLTASSQ FPKARLLPRQ L

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- 5 (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

20 QPFHEGNASL LSISAISCRT KGCSKNVGWG K

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

- 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1663 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142:

GGTGGGTGGA GCCAGGCTTG GCGGGCTGTG CGTGCTCGCG GTGGCGGTG GCGGCGGCTG 60
 CCTCGCGAAG GTTCGAGATC CGTCGCGTGC GGGAGGCGGG CCGCGATCTT GCGCAGGGTC120
 GGTGTGGCG CAGGCTGCAG CGCCGCGACT CGTGCGGGT A GCGTCTGCG CTCGGTTGA180
 GGGCTCGCG CGGGGTTTCC TGTTCTTCT TCTGCGCGC TGCAGCTCGG GACTTCGGCC240
 5 TGACCCAGCC CCCATGGCTT CAGAAGAGCT ACAGAAAGAT CTAGAAGAGG TAAAGGTGTT300
 GCTGGAAAAG GCTACTAGGA AAAGAGTACG TGATGCCCTT ACAGCTGAAA AATCCAAGAT360
 TGAGACAGAA ATCAAGAAC A AGATGCAACA GAAATCACAG AAGAAAGCAG AACTTCTTGA420
 TAATGAAAAA CCAGCTGCTG TGGTTGCTCC CATTACAACG GGCTATAACGG TGAAAATCAG480
 TAATTATGGA TGGGATCAGT CAGATAAGTT TGTGAAAATC TACATTACCT TAACTGGAGT540
 10 TCATCAAGTT CCCACTGAGA ATGTGCAGGT GCATTTACA GAGAGGTCA TTGATCTTT600
 GTAAAGAAT CTAAATGGGA AGAGTTACTC CATGATTGTG AACAACTCT TGAAACCCAT660
 CTCTGTGGAA GGAGTCAA AAAAGTCAA GACTGATACA GTTCTTATAT TGTGTAGAAA720
 GAAAGTGGAA AACACAAGGT GGGATTACCT GACCCAGGTT GAAAAGGAGT GCAAAGAAAA780
 AGAGAAGGCC TCCTATGACA CTGAAACAGA TCCTAGTGAG GGATTGATGA ATGTTCTAAA840
 15 GAAAATTAT GAAGATGGAG ACCATGATAT GAAGCGAAC ATTAAATAAG CCTGGGTGGA900
 ATCAAGAGAG AAGCAAGCCA AAGGAGACAC GGAATTTGA GACTTTAAAG TCGTTTGGG960
 AACTGTGATG TGATGTGGAA ATACTGATGT TTCCAGTAAG GGAATATTGG TGAGCTGCAT1020
 ATATAAATTG GACAGATAGC TATTTACATA GCCTTCTAAG TAAAGGCAAT GAATTCTCCA1080
 20 TTTCTACTG GAGGATTAT TAAATAAAA TATGCTTATT AAACACTCCT GCAAAGATGG1140
 TTTTATTAGT ACCCTGGTCA TTTTGTCAA GGAAGGGTTA TATTGCATTC TCACGTGAAA1200
 TATAAAAAGC AAGTCTGCC CAATAAAAAC GCTACATTGT GTGTATTTT TGTTCAAGCTA1260
 AGAATTGGAA AAGTATTGTC TTGCCTTTA AGTTACTGAC ATCAGCTTCC ACCAGTGTAA1320
 25 AAATTGAGTA AAACCTGAAAG TTTGCATAA AATGCAAATC GGTGCCTGTG CTTGAAGGTT1380
 GCTGTAGAGC ATCTGACCCC TTATTACAC CTTAAGCAAT GTATATGCCA TGCATTACCA1440
 TGCACTAATT CAATCACAGG TGTTTCTATC TAGATTAAA TATATTGTC AATGAATGTG1500
 GAATAGAAAA TCTAACATG ACAATAATAG ACATATCTT GTATGGTACC AGTTAGTTT1560
 GCCGTGGATC AGATGGTTA TAAAAGTAAT AACCATAAAAG CAAAAAAATAA TTTGAAAGCC1620
 CGTCTATTCC TATGCTCAAT AAAGTTAAGT TTTCTTCAT TAA

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- (A) LÄNGE: 312 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

50

 VGGARLGGIC VLAVGGGGGC LAKVRDPSRA GGGPRSCAGS VWAQAAAPRL VRVGVCARFE 60
 GSARGFLFLL LRGCSSGLRP DPAPMASEEL QKDLEEVKVL LEKATRKVR DALTAEKSKI120

ETEIKNKMQQ KSQKKAELLD NEKPAAVVAP ITTGYTVKIS NYGWDQSDKF VKIYITLTGV180
 HQVPTENVQV HFTERSFDLL VKNLNGKSYS MIVNNLLKPI SVEGSSKKVK TDTVLILCRK240
 KVENTRWDYL TQVEKECKEK EKPSYDTETD PSEGLMNVLK KIYEDGDDDM KRTINKAWVE300
 SREKQAKGDT EF

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2105 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144:

30

CAGGACTTCA	TCGGCGGAGA	GCCCACCCCC	GGCCGCTACT	GCCACGGAGG	CTTTGGGGTG	60
CTGCTGTCGC	GCATGCTGCT	GCAACAAC TG	CGCCCCCACC	TGGAAGGCTG	CCGCAACGAC	120
ATCGTCAGTG	CGCGCCCTGA	CGAGTGGCTG	GGTCGCTGCA	TTCTCGATGC	CACCGGGGTG	180
GGCTGCACTG	GTGACCACGA	GGGGGTGCAC	TATAGCCATC	TGGAGCTGAG	CCCTGGGGAG	240
CCAGTGCAGG	AGGGGGACCC	TCATTTCCGA	AGTGCCCTGA	CAGCCCACCC	TGTGCGTGAC	300
CCTGTGCACA	TGTACCAAGCT	GCACAAAGCT	TTCGCCCGAG	CTGAACCTGGA	ACGCACGTAC	360
CAGGAGATCC	AGGAGTTACA	GTGGGAGATC	CAGAATACCA	GCCATCTGGC	CGTTGATGGG	420
GACCGGGCAG	CTGCTTGGCC	CGTGGGTATT	CCAGCACCAT	CCCGCCCGGC	CTCCCGCTTT	480
GAGGTGCTGC	GCTGGGACTA	CTTCACGGAG	CAGCATGCTT	TCTCTGCGC	CGATGGCTCA	540
CCCCGCTGCC	CACTGCGTGG	GGCTGACCGG	GCTGATGTGG	CCGATGTTCT	GGGGACAGCT	600
CTAGAGGAGC	TGAACCGCCG	CTACCACCCG	GCCTTGCGGC	TCCAGAAGCA	GCAGCTGGTG	660
AATGGCTACC	GACGCTTGA	TCCGGCCCGG	GGTATGGAAT	ACACGCTGGA	CTTGCAGCTG	720
GAGGCACTGA	CCCCCCAGGG	AGGCCGCGCG	CCCCTCACTC	GCCGAGTGC	GCTGCTCCGG	780
45: CCGCTGAGCC	GGGTGGAGAT	CTTGCCTGTG	CCCTATGTCA	CTGAGGCCTC	ACGTCTCACT	840
GTGCTGCTGC	CTCTAGCTGC	GGCTGAGCGT	GACCTGGCCC	CTGGCTTCTT	GGAGGCCTTT	900
GCCACTGCAG	CACTGGAGCC	TGGTGTGCT	GCGGCAGCCC	TGACCCCTGCT	GCTACTGTAT	960
GAGCCGCGCC	AGGCCAGCG	CGTGGCCCAT	GCAGATGTCT	TCGCACCTGT	CAAGGCCAT	1020
GTGGCAGAGC	TGGAGCGCG	TTTCCCCGGT	GCCCGGGTGC	CATGGCTCAG	TGTGCAGACA	1080
50: GCCGCACCC	CACCACTACG	CCTCATGGAT	CTACTCTCCA	AGAACGACCC	GCTGGACACA	1140
CTGTTCCCTGC	TGGCGGGCC	AGACACGGTG	CTCACGCCCTG	ACTTCCCTGAA	CCGCTGCCGC	1200
ATGCATGCCA	TCTCCGGCTG	GCAGGCCTTC	TTTCCCATGC	ATTCCAAGC	CTTCCACCCA	1260
GCTGTGGCCC	CACCACAAGG	GCCTGGGCC	CCAGAGCTGG	GCCGTGACAC	TGGCCGCTTT	1320

GATGCCAGG CAGCCAGCGA GGCCTGCTTC TACAACCTGG ACTACGTGGC AGCCCCGG1380
 CGCCTGGCGG CAGCCTCAGA ACAAGAACAGAG GAGCTGCTGG AGAGCCTGG A TGTCAGAG1440
 CTGTTCCCTCC ACTTCTCCAG TCTGCATGTG CTGCGGGCGG TGGAGCCGGC GCTGCTGCAG1500
 CGCTACCGGG CCCAGACGTG CAGCGCGAGG CTCAGTGAGG ACCTGTACCA CCGCTGCCTC1560
 5 CAGAGCGTGC TTGAGGGCCT CGGCTCCCGA ACCCAGCTGG CCATGCTACT CTTGAACAG1620
 GAGCAGGGCA ACAGCACCTG ACCCCCACCCCT GTCCCCGTGG GCCGTGGCAT GGCCACACCC1680
 CACCCCACTT CTCCCCAAA ACCAGAGCCA CCTGCCAGCC TCGCTGGGCA GGGCTGGCCG1740
 TAGCCAGACC CCAAGCTGGC CCACTGGTCC CCTCTCTGGC TCTGTGGGTC CCTGGGCTCT1800
 GGACAAGCAC TGGGGGACGT GCCCCCAGAG CCACCCACTT CTCATCCCAA ACCCAGTTTC1860
 10 CCTGCCCCCT GACGCTGCTG ATTCTGGGCTG TGGCCTCCAC GTATTATGC AGTACAGTCT1920
 GCCTGACGCC AGCCCTGCCT CTGGGCCCTG GGGGCTGGGC TGTAGAAGAG TTGTTGGGGA1980
 AGGAGGGAGC TGAGGAGGGG GCATCTCCCA ACTTCTCCCT TTTGGACCCCT GCCGAAGCTC2040
 CCTGCCTTA ATAAACTGGC CAAGTGTGGA AAAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA2100
 AAAAAA 2105

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

- (A) LÄNGE: 1125 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145:

CGGGCGGGCCC ACCCCAGATC TCCTGCACGT TGTGGGGCCC TCGGGCGACG CGGTTAGCTG 60
 GCGGTGCAGG GCCTCGGCAC GGGTCAGCAC GTCCCTCCACG CTCAGCTTCA TAGTCAGCTC 120
 GTTGATGTGC TTGAGGGATCT CATTGGAGCC GAAGCCGGAC AGCATGAGGG TGTCCCTCTC 180
 45 CATGTCCAGG ATGGCGCAGG CCACCGACAG GTGCAGATTG GGGCCAGGGA GCCCTGTCCA 240
 CAGCACCTCC CACAGCGAA GGACATCCGG GAAGGGGAAT TCCCTCTTGA ACCAGATGAG 300
 CAGCCACCGG AAACAGAACG AGAGAGAGCC GGAGTCCTGG GAATCCAGGA AGTCGCAGAG 360
 CAGGGGGTCC AGCACCCCTCC GGAGCAGCAG CAGTCGCCCG AGTTGCCGCT TCATGGTCTC 420
 CTGGCTCTCT TCAAAGCTCG AGCCGCTCGA GCCGAATTG GCTCGAGAAA CCAGCCTGCT 480
 50 CCTGGAGCTT CCCTGGACTC AACTTCCTAA AGGCATGTGA GGAAGGGTA GATTCCACAA 540
 TCTAATCCGG GGGCCATCAG AGTAGAGGGGA GTAGAGAATG GATGTTGGGT AGGCCATCAA 600
 TAAGGTCCAT TCTGCGCAGT ATCTCAACTG CCGTTCAACA ATCGCAAGAG GAAGGTGGAG 660
 CAGGTTTCTT CATCTTACAG TTGAGAAAAC AGAGACTCAG AAGGGCTCT TAGTTCATGT 720
 TTCCCTTAGC GCCTCAGTGA TTTTTCTAGG GTGGCTTAGG CCAAAAGAAA TATCTAACCA 780

TTCAATTAT AAATAATTAG GTCCCCAACG AATTAAATAT TATGTCCTAC CAACTTATTA 840
 GCTGCTTGAA AAATATAATA CACATAAATA AAAAAATATA TTTTCAGTT CTATTCAGT 900
 GTTAATGAGA ACTACTTACT AAGGAGATGT ATGCACCTAT TGGAACAGTG TGCAAGTTCT 960
 TCAGCTGGGA TTGAGGGTGG GCAATGCTGC CCCTCAATT CTGCTCCAG GTGGGTGGTT1020
 5 CCATATGGTA CTTGAGTTT TATCAGAGGG CCTGGGAAA CCCCAGTCTC ACAAAATAT1080
 TGAAATTATC AGAAGGGTTA TAGTGGCAAT CTTATGTTGA AAGGA 1125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1490 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146:

TCGGCACTGG GGGGCAGGGG TCGATCGGCT CAACTATGAA GATCACTGCT TCAGCGGGCA 60
 CGCCACCAGT CACGCCGAGA ACCTGTGGCC GGGCGGGCTG TCCTCCGTCC AGCAGATCCT 120
 35 GCAGCTCTCT GACCTGTGGA GGCTGAACCT CCAGAAGCGT GGCTGCAAGG GGCTGGTGAA 180
 GGTGGGTGCC CCAGGCATCC TGCAGGGGAT GGTGCTCAGC TTTGGGGGGC TGCAGTCAC 240
 AGAGAACACAC CTCCAGTTCC AGGCCGACCC CGACGTGCTG CACAACAGCT ATGCATTGCA 300
 TGGCATCCGC TACAAGAACG ACCATATCAA CCTGGCCGTG CTGGCGGATG CCGAGGGCAA 360
 GCCCTACCTA CACGTGTCCG TGGAGTCCCG TGGCCAGCCT GTCAAGATCT ATGCCTGCAA 420
 40 GGCAGGCTGC CTGGACGGAGC CAGTGGAGCT GACCTCGGCC CCCACGGGCC ACACCTTCTC 480
 GGTCATGGTG ACACAGCCCA TCACGCCACT GCTCTACATC TCCACCGACC TCACACACCT 540
 GCAGGACCTG CGGCACACGC TGCACCTCAA GGCCATCCTG GCCCATGATG AGCACATGGC 600
 CCAGCAGGAC CCCGGGCTGC CCTTCCTCTT CTGGTTCAGC GTGGCCTCCC TAATCACCCCT 660
 CTTCCACCTC TTCCTCTTCA AGCTCATCTA CAACGAGTAC TGTGGGCCCTG GAGCCAAGCC 720
 45 CCTGTTCAAG AGTAAGGAAG ATCCCAGTGT CTGAGTGAAC TAACAGTCCT GCTTCAGCC 780
 ACCATTTGCA CAAGACACCC AGCACTGAAA GTCCCGCTGC CAGGAGCAAG GGATCCTTTG 840
 GAAGCACCCCG CCCTTTGTGC CTTGTTGGGG GAAACCGGTG ACGCAGAAGT GAGTGTGGAT 900
 ACACCAGAGT TTGCATGGA AGGAATGAGT GTCACGTGGG GAGGGAAAGGG GCCAGTGGAC 960
 CTTTGTAAG CTTTCCACTC AATAAAATGA ACCTGTATGG CAAATACTTG AAATGGAAC1020
 50 CACTCCTTCC ACTTTCCCCC TTTCTTCTGT CCCAGGAAAT AGATCATCTT TTGAAAAGAC1080
 TCTTGTCTAG GAAAAGTTGT GTCTTTTCC TAATTTAACG TGTTCTTCT TAATGAAGTT1140
 TTAATTATT TTTGTTGAGA TTTGCTAGA TGGCTTTGC ATCCCCTGTA GATGGTGAGT1200
 GTTGGCGGTG ATGTCCGTCT CGGCCTTCGG AGGCCCAACG GTCCCGAGGC TGGGCCGGGG1260

CCCCCCAGGG TGGCTGTGCT GCTGCCTGTA GGAGGGTGCG GGTTGTGCTG TCATCCCTCGG 1320
GTTTGCACGC CCTTTTTTAG GAGCCTGTGG ACATCTGTGG TTTTGTACTT TGGGGCTTC 1380
GGGGGAGGTGT TAAACTTCT AGTGATTGAT GATTGTCAGG TTTTGAAATA CAAAGCTT 1440
TTTGTCTGT TTTAAATAA ATATCTTC AACTTTCAAA AAAAAAAA 1490

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1692 Basenpaare
10 (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYPE: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147:

35 TTTTTTTTT TACTAGAAAGT TATTTATGTT TAATGCTTAA AAGTCTGAAT TCACAAACAA 60
TCTACCATTA TAGAAGTACT GGTGGTCAAT ACAATGCATT AGAACTATGT ACAACGCACA 120
GTTTAGTATC AAAATCTTC TACACTGTAG AGTTTACGA AACTGTTAAT GACATCAAAC 180
ACTAACGACT TAAGACACCA TTTTTTCTG CTACCACATT AGGAACGTCA ATGGACAGTC 240
CATTCAACT TGCAGCATCC ATCCATTCT AGTATGAAAT TAAGTAATT TCTACTTATA 300
CAATAAGTA TATCTACACG GTTCTTTGA TTTGATCCA TCGCAGCAAC GGCACGTAC 360
ATCAGCCTCG AGCCGATTG GCTCGAGCTT GCCTGTGCC TATGTCACTG AGGCCTCACG 420
TCTCACTGTG CTGCTGCCTC TAGCTGCGGC TGAGCGTGAC CTGGCCCCTG GCTTCTTGA 480
40 GGCCTTGCC ACTGCAGCAC TGGAGCCTGG TGATGCTGCG GCAGCCCTGA CCCTGCTGCT 540
ACTGTATGAG CCGCGCCAGG CCCAGCGCGT GCCCCATGCA GATGCTTCG CACCTGTCAA 600
GGCCCATGTG GCAGAGCTGG AGCGGGCTTT CCCCAGGTGCC CGGGTGCCTAT GGCTCAGTGT 660
GCAGACAGCC GCACCCCTCAC CACTACGCC CATGGATCTA CTCTCCAAGA AGCACCCGCT 720
GGACACACTG TTCTGCTGG CGGGGCCAGA CACGGTGCTC ACGCCTGACT TCCTGAACCG 780
45 CTGCCGCATG CATGCCATCT CGGGCTGGCA GGCCTTCTT CCCATGCATT TCCAAGCCTT 840
CCACCCAGCT GTGGCCCCAC CACAAGGGCC TGGGCCCCCA GAGCTGGGCC GTGACACTGG 900
CCGCTTGTAT CGCCAGGCAG CCAGCGAGGC CTGCTTCTAC AACTCCGACT ACGTGGCAGC 960
CCGTGGCGC CTGGCGGCAG CCTCAGAACAA AGAACAGGGAG CTGCTGGAGA GCCTGGATGT 1020
GTACGAGCTG TTCCTCCACT TCTCCAGTCT GCATGCTGCG CGGGCGGTGG AGCCGGCGCT 1080
50 GCTGCAGCGC TACCGGGCCC AGACGTGCAG CGCGAGGCTC AGTGAGGACC TGTACCAACCG 1140
CTGCCTCCAG AGCGTGCTTG AGGGCCTCGG CTCCCGAACCA CAGCTGGCCA TGCTACTCTT 1200
TGAACAGGAG CAGGGCAACA GCACCTGACC CCACCCCTGTC CCCGTGGGCC GTGGCATGGC 1260
CACACCCAC CCCACTTCTC CCCCCAAACC AGAGCCACCT GCCAGCCTCG CTGGGCAGGG 1320

5 CTGGCCGTAG CCAGACCCCA AGCTGGCCCA CTGGTCCCCT CTCTGGCTCT GTGGGTCCCT1380
 GGGCTCTGGA CAAGCACTGG GGGACGTGCC CCCAGAGCCA CCCACTTCTC ATCCCAAACC1440
 CAGTTTCCCT GCCCCCTGAC GCTGCTGATT CGGGCTGTGG CCTCCACGTA TTTATGCAGT1500
 ACAGTCTGCC TGACGCCAGC CCTGCCTCTG GGCCCTGGGG GCTGGGCTGT AGAAGAGTTG1560
 TTGGGGAAGG AGGGAGCTGA GGAGGGGGCA TCTCCCAACT TCTCCCTTT GGACCCTGCC1620
 GAAGCTCCCT GCCTTAATA AACTGGCCAA GTGTGGAAAA AAAAAAAA1680
 AAAAAAAA AA 1692

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 866 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148:

35 CTACGACCCG ATTGGCTTCG GGCTCAGCTG GGAGGGGGGA CGAATTATTG GTTGGGGGAA 60
 ACCCACGAGG GGACGGGGCC GAGGGAGGGTC GCTGTCCACC CGGGGGCGTG GGAGTGAGGT120
 ACCAGATTCA GCCCCATTGG CCCCCACGCC TCTGTTCTCG GAATCCGGGT GCTGCGGATT180
 GAGGTCCCGG TTCCTAACGG ACTGCAAGAT GGAGGAAGGC GGGAACCTAG GAGGCCTGAT240
 TAAGATGGTC CATCTACTGG TCTTGTCAAGG TGCCCTGGGGC ATGCAAATGT GGGTGACCTT300
 40 CGTCTCAGGC TTCCTGCTT TCCGAAGCCT TCCCCGACAT ACCTTCGGAC TAGTGCAGAG360
 CAAACTCTTC CCCTTCTACT TCCACATCTC CATGGGCTGT GCCTTCATCA ACCTCTGCAT420
 CTTGGCTTCA CAGCATGCTT GGGCTCAGCT CACATTCTGG GAGGCCAGCC AGCTTACCT480
 GCTGTTCTG AGCCTTACGC TGGCCACTGT CAACGCCCGC TGGCTGGAAC CCCGCACAC540
 AGCTGCCATG TGGGCCCTGC AAACCGTGG AAGGGAGCGA GGCCTGGGTG GGGAGGTAC600
 45 AGGCAGCCAC CAGGGTCCCG ATCCCTACCG CCAGCTGCAG GAGAAGGAGCC CCAAGTACAG660
 TGCTCTCCGC CAGAATTCT TCCGCTACCA TGGGCTGTCC TCTCTTGCA ATCTGGGCTG720
 CGTCTGAGC AATGGGCTCT GTCTCGCTGG CCTTGCCCTG GAAATAAGGA GCCTCTAGCA780
 TGGGCCCTGC ATGCTAATAA ATGCTTCTTC AGAAAAAAA AAAAAAAA AAGGGGAGAA840
 AGAAAAAGGA AAAGGCGAGA GGAGCG 866

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:992 Basenpaare
5 (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
10 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149:

25 ATTTCTACTT CTCTCCAAGC GTCCAATTAA TAATAACATG TGCATCTTGT TTTCCCTGCC 60
AAACTAAATT TCGTGAGGGG GTACATACTG CACAGTTTT TTTGTCACAT ACTGCTTATG120
ACACATGAAT ATGCAGAGCT TGTCAAGCTC TTTAATTAAAG TTTAAAATGC TAATTGAGTG180
30 AATCAAAACT TAACCATTAT GGTTAGGCTA AAAATGTCAG CTTGTGTTTA TATAGTGCTT240
ACCTCAGTAT TGGAAATGCC ATGAGTTAG TATCAGAAGG ACATTATTAC TAGTGCATTT300
TAAAGTGATA CCAGTCATAG TTGCAAAAGA AAGTACACAA TGGGAAATGG AAAGAGAAATG360
TAGGGAATCA AAACAACTAG TTTTTCTT TATAACGGAA GTTTTATAAT TCATCTTTA420
TGTAAGTGT ATTCTCATTA AAAATACCTT AAAGCTTAAA GTTTGCAAGG CTGCCAGGCC480
35 TAACCCACAA CAGTTGATG CTGCCCTCA GCGTTTGATT CCCTTCACCT TTTGCTAAAA540
TAAGGTAATG TTTAAATTAC AATTAGATT ACTTACTGCT GTAAATCTGG TCTATTTAG600
TTCTCTCTGG GTAGTTAGTG TTGCTAATAA GATGGACGTA AGTGTGTTTG AACTGGTCAA660
TTCTGATTGC TTTTAGCCCC CAGTTTCCA AATAGGGGTG AATTCTGGGT AGAGATAGAA720
40 CAATCACCAA GTTACCTTGC TCCAAAAAAAG AAATTTACGT ATGGGATTGT TTTCAAAGCG780
GGAAGTTAGC TGTGTAATA ACAACAATT TATATATTAA ATCTGGGCTT CTCCTTATCT840
TGAATGATAT AAAAATCTAC TTTCTAGATT AATTTAGTTC CATATAACTT TGTATTGCTT900
TGACTGTACT GATAATAAAG TTTGAAAGTG TAAATTTAA AAAAGAAAAA AAGAGGCAAA960
AGGAAAGACA AGAAAGGGAC CCGGGAGGGAA TC 992

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:1640 Basenpaare
50 (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 150:

20	GGTCGGGGC GGAAAGTGGG TCAGGGCCGG GCCGGCGGAC GCGCAGGGGG GGCTGCAGAT 60
	TCTTCCACC ATGCCAGAC GCCCCCCGAA CAGCAGGGCC TGGCACTTCG TCCTGAGTGC 120
	AGCCCGCCGA GACGCAGATG CCCGGGCCGT GGCTCTAGCA GGCTCCACTA ACTGGGGCTA 180
	CGACTCTGAT GGGCAGCACA GCGACTCGGA CTCCGACCCC GAGTACTCCA CGCTGCCGCC 240
	ATCCATCCCC AGTGGCGGTGC CCGTGACCCGG CGAGTCCTTC TGTGACTGTG CTGGGCAGAG 300
	CGAGGGCTCC TTCTGTAGCA GCCTGCACTC GGCCCACCGG GGCAGGGACT GCCGCTGCAG 360
25	AGAGGAAGAC GAGTGTGAGC GTGGGGCCCA GCCCCTGCTG GGACTGCACT GCGGGCGGGC 420
	CTGGGGGTGG GCAGGGCAGA GCCCCATGGA GCTCTCAGGG CTGCCCCAGC CTGGGCCTCT 480
	CTTGCAGATT TCGACTGGGT CTGGGATGAC TAAATAAGT CATCAGCCAC CCTGCTGAGC 540
	TGTGACAACC GTAAGGTCACTG CTCCACATG GAGTACAGCT GCGGCACAGC GGCCATCCGG 600
	GGCACCAAGG AGCTGGGGGA GGGCCAGCAC TTCTGGGAGA TCAAGATGAC CTCTCCCCTC 660
30	TACGGCACCG ACATGATGGT GGGCATCGGG ACGTCGGATG TGGACCTGGA CAAATACCGC 720
	CACACGTTCT GCAGCCTGCT GGGCAGGGAT GAGGACAGCT GGGGCTCTC CTACACGGGC 780
	CTCCTCCACC ACAAGGGCGA CAAGACCAGC TTCTCGTCGC GGTCGGCCA GGGCTCCATC 840
	ATTGGCGTGC ACCTGGACAC CTGGCACGGC ACACTCACCT TTTTCAAGAA CAGGAAGTGT 900
	ATAGGTGTGG CAGCCACCAA GCTGCAGAAC AAGAGATTCT ACCCGATGGT GTGCTCCACG 960
35	GCGGCCCGGA GCAGCATGAA GGTACCCCGC TCCTGTGCCA GCGCCACTTC CCTCCAGTAC1020
	CTGTGCTGCC ACCGCCTGCG CCAGTGCAGC CAGACTCGGG AGACACGCTG GAGGGTCTGC1080
	CGCTGCCGCC GGGCCTCAAG CAGGTGCTAC ACAACAAGCT GGGCTGGTC CTGAGCATGA1140
	GTTGCAGCCG CCGCAAGGTC CAGTGTCCGA TCCCCAGGCA GCGACCTCCG CCCACCCAG1200
	CAGTCGCGAG CCTCGGCCCT GCCAGAGGAA GCGCTGCCGC CGGACCTGAC TGACTTCCA1260
40	GTGGAACTGCT CTTCTTGGGC TGGGACAGCC CTTCTCTCTG TCCCTTCTTT CTCTGTCCCT1320
	TCCTTCCAGC CACACTCCAG GGGGGAGTTG GATGAGGCC GTCGGAGGG AGCCATCTCT1380
	TGCTCCCGAG GCTGGGACAG TCCTTCTGT GGGGGCTCTA GGGCCCTCT GCTGCTGTGC1440
	TGGGTGGGGGA AGCGGCTGCC CTGAGCCCCA GGTCTTGTGG GAGGCTGCGA GGACGAGAGC1500
	CTGGCTGGAG CCCCGCTTGC TGTCCCACA GGGCCTCGGT TTTCTTAAC TTGCTCTGCA1560
45	TGCTGTCAGC GGCTGCCCG CCGTCATAGA CTTAAAGGAC TGCAATAAT GTAGAGTTGA1620
	TGTCTAACAC CCAAAAAAAA 1640

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 974 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151:

30 GCACGCTATG CTAGCCACAC TTCCGGCAAG AGCAGCTAGA ATCGTTCCGG TGCATATTGA 60
ATAGGCGCAG AAAGGGAGAA AAAGATTCTA CAGCCCTGGC CACAGTACTT TGGTGACACT120
TTTCGTGGGG CTCTCTGGAG GACTTTCCG AAGGCAGATG GAGAAAACCTT CGTGAACCC180
ACTCCTTGCT ATTAAAGGAA ATGTTGTGGA ATATAATTGG ACTTAGGTT TGCAAGAGCTT240
GAGCATGGCC TTTTGTCCCT CCCACCTTCT GGTTCTGAA GACATTGCCG GTGACCTGGC300
CCCAGACTAA CACAAGGCAG GCGTATAACCG TCAGCCTGCC TGGCGTCCCC TTGCCTCAGC360
ACACACAGAG ACCTCTTGCA AGATGCTCT CTGCCGCCAT AGGCTGGAGG TTCCCCGGGA420
ACTTTCCCT TCCTTCCTAG CTGAGGAAGA TCCCTCACTT CCGCTCGCCG CGCCACCGGT480
CCCACCTCCC CGCCCCCCGC TGGGTCCTAG CGCCGGCCCC TGTTGGCAG GGTCCGGGCT540
35 CCGTCGGTGC GAGGAGCCGA CGCCGACGCC ACGGAGTCAG CACAAGTCTC ATCAGAGAAA600
CCCCGTTCAC CAAGGCCATG GAAGTGGAGG CTGCAGAGGC CCGGTCCCCA GCCCCCCGGCT660
ACAAGCGCTC GGGCCGCCGC TACAAGTGCC TGTCTGTAC CAAGACATT CCAAACGCGC720
CCAGGGGAGC GCGCCACGCT GCCACACATG GGCCGGCAGA CTGCTCTGAA GAGGTGGCCG780
AGGTGAAGGCC AAAGCCAGAG ACAGAACGTA AGGCAGAGGA AGCCAGTGGG GAGAAGGTGT840
40 CAGCGTCCGG CGCCAAGCCT AGGCCCTATC GGTGTCCGCT ATGCCCAAG GCCTACAAGA900
CGGCACCCGA CGTGCAGCAGC CACCGGGCAGA GCCACACGGG GGAGAAGGCC TTTCCGTGCC960
CCGAGTGCAGC 974

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1059 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152:

GTGGGATGAC CGCGTGTATA GGACTCTAG GCTTTATCC TAGATCACCA CTGGATTGCT 60
GACAGATAGA GGACGTGGGA CCGTGAAT CACCCCTAAAT CTGCAGTGGA TTTGGCTCTC 120
GGCACTCCC GGCTGGGAGC TGGATACCTG CCCTGGCAGC ATGACTCAGA CTGCATCACA 180
15 GTCACAGACT CGCCTCTGCT CCTGTGGTCC AGTGGCCGGA CACCCCCCTGG GATGGCTCAA 240
AGGAGTCAGG ACTTGAAGT GGGGACATCA GGGTAGCTGA AGGAAATCCA CACACCCAGA 300
GCATCTCGGA GTTCAGACTC TCAGACCTGA AGTAGGCGCC CCCGGGACTG GGCTAGGAGT 360
TGGACGGAAT GGAGGATGGA GGACAGCGAG AAGAAAGGAA GAGAAATGCA AAGTGTGGC 420
20 AGCCGCCAAG AGTGAATAA GAGGGAAAGTG TCATGCAAGT GCTGGACAGA AGGCAGCAGG 480
TGGGACGAGC CCCACAGCCC CCTCCTCAAA AACGACCACC TCCAGGACTC AGTGATCCCT 540
GGGGGGCAGG CTCTGCCAGC CCTCGGCCAC ACGTGGCTCC GGCACCCATG GTCCCAGTGC 600
CTTGGATGGA GACGGCCAGT TCTGGCGGCC AGATGTGGTG CTCTGGAATC CAGTCCCATT 660
25 TCCTTCCTGG CCACGCCGT CCAGCGGCCCT CTTCAGCCGC ATTCAAGCCCC TACTTACCTG 720
GGGACCCCGG CTGGGGCACG AGAGTACCAAG GGGGGTAGGG CCCAAAGGGA TCAGGGGAAG 780
CCTCTGGCCT GGAGGGTATG GGGCACGCTT CCCCCAAGGGC GGACCCGGCA GGAGGAAGCC 840
CAGGAGCTGG GTCCCTGCCGC CCAGGAGCTG GGCCCTGCCA CCCAGGCCGG GCTAGGGACA 900
TGGCAGGGCC TGGGCATCCT GACGCTGGAC TTGGGCGACC TGGGAGGCAC AGGGAGGGGA 960
30 GAGATGGGCG GGCCCGCCCC AGCCGAGTGC CGGCCACACC CATGCACCGA AGCTCCTCCC 1020
TGCCACGCCCAAGGCGGTT GCCGGAGCTT ACCGGGGGT 1059

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2003 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
40 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45.

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153:

	GAGAGATCTG	AAATAACCTT	TCCCAGTGGG	CAGGGTTGCC	AGGGTTGAGG	GGACAGCACA	60
5	TACCACCCCC	ACCCAACCTG	TTCGAGGGGC	CCTGCATGCC	ACGGGATGAG	TCCCTGCCCT	120
	GTGCAGCTGC	CTGGCAGTGG	CTGGGACAAG	GATCTTGAG	CCAGCACAGA	GGCCTCTTCA	180
	AAGGCCTCTC	CCTCTGGCA	CTCCAGGCAG	GGCAGGTGCC	CGCTTCCCCA	ACACCTCCAG	240
	GCAGTGACCC	TAGGGCATGC	CCCAGCAGGT	CTCCGAGCAG	CCACTGGGAC	CCGTCAGC	300
10	ACATCCTGGC	CTTTGAAAGT	CTGATATCCT	GAGAGGAGGG	CAGGTTTAG	GGCCGCAGTT	360
	CCAGCCAGCG	TCCCCAGCCT	GGCTTCCCTG	CCATGGACTC	AGTAGCTCGT	GGGGCTTCTT	420
	ACCACCCACC	AGCCCCGCTG	GGGTGCGGGC	TGGCTGTGGG	CAAAGGAGGA	CTTGCCTGGA	480
	GATTGAGAG	AAGATTCCTT	CTACCAGGGC	TGCTGAGGGG	CCAGGCCTGC	ATCAGGGCT	540
	AGGCTCTGGC	TGGGCCCCGA	GGCTGAGACT	AAGGCTTCG	ACCCTGGTGC	CTCCATGTGG	600
	ATGCTGCCTC	AGACAAAGGC	AGTGAGCCTT	CCCTGCCAAA	GTGCCCATCC	CATGGGCTCG	660
15	GCCTCACTGG	TCACTGTTAG	CCCATGAACA	CGTGTGGGCC	TCGGTCACGT	GGCTTGAGG	720
	GCAGTCTGAC	CAGGCTAGAC	CACACGTGCC	GTGACAGGGG	GTGCCATTCC	CCTCGCAGGC	780
	TCTAATGTGC	CCACATGTAG	CCTGGCAGTC	CAAAGACCAA	GAATCAACTT	GCAAATCTGC	840
	CATTAAACTG	CTGTGCCACT	TCAGGCATAT	CACTGCCCTC	TCTGGGCTTC	AGTGTCTTT	900
	TCATACCTAG	AAAGTCTGCGG	TCTGAGGCTC	TTTGGTTCA	GACACACTGT	TCTAGGCTTC	960
20	TGTAGGGGAC	CTTGTGATCT	GCCGTGCCCT	TCCTCCCTGT	TCTTTCTGT	CCTCCCCACC	1020
	CCACCCTCAG	AAGCTGTTG	CTCTGCCCTC	AGGACAGGAG	CTTGACGGAT	GAAGTGCAGC	1080
	CAGCCACCCA	GGTGCATTT	CCAGTCTGAC	TTCCAGAAAT	GTGCACCATG	TCCTAGAGCA	1140
	CAGACCCATT	GGCTGGAGCC	TCCTGGGAGG	GTTCAAACCA	TCAGCTCTAT	GAGAAATGCC	1200
	CAGAAAGGCT	TTGCCGACTC	CATCCGTCTG	TGGAGGCTGC	CTGCCTCCGG	GGTGGGATGG	1260
25	GTGGTTCTC	CTCCAATTCA	GACCCAAGAG	GTAGCCCCCG	AGGGCATGTA	CCTGGTGGGA	1320
	AGCAGCTCAG	GTACCCCTGG	GGGTTGCAAGG	GCCCTTACGC	AGGTATTCT	CTCTCTCTCC	1380
	TCTCTGGGT	GCCTGTGTGC	GTGCGCGTGT	GCCTGCCTAT	GCTTTCTCT	GTGGGCACAT	1440
	CAGGATGCC	CTCGGAGAGC	ATGTGCACGT	GTCCCCACCT	GAGCGAGCGT	GTGTGTGTGC	1500
	TCCTCTGCGT	CCCAGGTTG	GACGTCTAGG	GTTGGTGTG	CCTGTCTTCT	GCCCTCCCTG	1560
30	AGCCCCACAGG	GTCAGTCAAT	GTATCTCTA	CGTGCCTCTC	CCTCTGCCCT	CTCTCACAGT	1620
	GCCCCCGGCT	CCAGAGCTCA	GGGGTAGGGG	TTCTCCTGAG	GGTGCAGGGG	ATCCTCTCA	1680
	TCTCCCTGGAC	CCTCCAGGGC	ACTCTGGTCC	CTATTCCCCA	GCTCCTAGGC	AGCTGAGCCG	1740
	GGTCCCTTAG	GGGAGGTGAC	CAGGAGCTT	GGTGCAGGGG	GCTCTGGTG	GGGCAAAGGG	1800
	CTGGACCCCT	GCCAGGTCTG	TGGACATGGT	TATATGCCCG	GGAGAGGGGG	GTGCAGGGCC	1860
35	CCAGGGATGG	CCCCCAATCC	CACCTCTGTT	TATTCTGTAA	ACTGCAACCT	ATAAATAACC	1920
	TTTAGCATT	CTATTGTAAAC	AAAATTAAATT	TTTATGAAAT	AAATTATATT	TCCTAGTCTA	1980
	ATAAAAAAA	AAAAAAAAAA	AAA				2003

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1130 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154:

10	TATTTTTTT TTTACTGATA TATTGTAGTT TAATAAAACA TAGTTTATAC AGTCATTGA	60
	AAAAGTATTT TAATACAAAC ACCACTTATA CACAAAACCA AATGTTGATA TTCTTGTTT	120
	AAAAAATTCT TGATTTCTCT AAAACACTAA GATGCTATCT CAATAGAGAT TGCTTCACAT	180
	TTTCCAGTTT CTTGATCTGT GCATGTCACA TGTAAGATC CATCCCTTT CATAGTAAGA	240
	ACAGCTAATA TATCACGTAA TCCATTTCT TTTTATCTA AATCCTGGAG TACAACCTGT	300
15	GCAAACATTGG TTTCCTCTT GGCAGAGTTC TTCCCCTCAG ACTCATAGAG TTCAAGGCAC	360
	ACTGAAGATA TGCTTCCAGG GGCTTGCAAT GTGTGTTGTC TTCGAGCTGG CAAAGGAGTC	420
	CCTGATGGAA ACAGCACTGT GAATCTACTG GCTCCCTGATT CGTCCACACC CTTAACTAAA	480
	ATATCTCTGG CTGAACACTC TATCATAAGA GAGCTTCCA CCAACAGGTT TTCTTCCC	540
	ATAAGAATTCTGCTTCTAT AGCTGCACCA ATAGGGATCA TTTCATCAGG AGGGATAGAA	600
20	TTGAGAACGCT CAACAGCTGG GAAAAGATCT TTAATCAGTT GCTGTAGCTT TGGGATTCGA	660
	GAAGACCCCTC CACAAAGGAC AACCTTGTG ATATCATCTG CTGTAATCC ATTTTGATCT	720
	AAGAGTCCTC TGATTGCTTC TATACACTTA TTAAAAAGTG GAGAACAAAG AAGTTCAAAT	780
	CTTGCTCTGG ACACATTGCA ATCAAAATCT TGACCTTCAT ATAATGAGTC AAGAAAACAG	840
	TTGGCACTTC CCAAGGTGAA CAAAGAATGT TTCGCTACTT CAGCACTGTT CGTTAATTTC	900
25	ATCATGGCTC GCGCATTCC TCTCACATCA TGTTGAGG ATCTTGAA CTCAGAAGCT	960
	AGATACTGTG CTAAGGTTTC TGTGAAATGT GCACCACCGA TGTTATCAGT AGTGTGTT	1020
	GAAAGAACCC GATATATTCC ACTGTTAACT TCCATGACGC TGAGAGATAA GGATGTTCC	1080
	CCAAGCTAA ACACAAAAT ATTGCTTTT CCAGTAGGGG AGTCTTGTCC	1130

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 5779 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 35 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155:

TTGCGGGAAA GAGCCAAACC CTGGCGTTGG GGGGCCCGGG CGGGGAGCCC CTCCCGCGGT 60
 CCACAGCGAC GCCTGCCAG CCCTCCTCCC CTTCCGGCTC CGGCACGGGG CCCCAGGCG 120
 5 TTCGGAGGCC AGGCGGGTTT CTGTCAGGCC CGGGGAGGAG GGGCAGGCC GGCAGGCC 180
 GCCTCCCCGG GACGGGCCGT ACCACGCCA CGGGGAGGAC GGGGCCAGGG GACTGCAGGG 240
 CGGCTGCACC GCCCCGGGGC GGGGTGCGGA CGGGCCGGCG GGCTCCCGG GGCAGGCC 300
 GAGGGCGGGG CGTGGGCCGG ACAGAACCAC CGGGGCCGGG TGGGAGGTA CGGGACGGC 360
 GCGACCATGG CGCGGTGAGG GAGCGGGGGT GGGGATCGGT CGGGGGGAGG CCTGAGGCC 420
 10 CTGGCTTGTG CGCTGTCCTCC GCGCCCCCCC TCTTCGCCG CGCCGCCGC CGCCCCGGC 480
 ATGTCGTCGA ACTGCACCAAG CACCAACGGG GTGGCGGTGG CGCCGCTCAG CGCCAGCAAG 540
 ACCAAGACCA AGAAGAAGCA TTTCGTGTG CAGAAAGTGA AGCTATTCCG GCCCAGCGAG 600
 CCGATCCTCA GCGTCCTGAT GTGGGGGGTG AACACACGA TCAATGAGCT GAGCAATGTT 660
 CCTGTTCTG TCATGCTAAT GCCAGATGAC TTCAAAGCCT ACAGCAAGAT CAAGGTGGAC 720
 15 AATCATCTCT TCAATAAGGA GAACCTGCC AGCCGCTTTA AGTTTAAGGA GTATTGCC 780
 ATGGTGTTC GAAACCTTCG GGAGAGGTTT GGAATTGATG ATCAGGATTA CCAGAATTCA 840
 GTGACCGCA GCGCCCCCAT CAACAGTGAC AGCCAGGGTC GGTGTGGCAC GCGGGAGATG 900
 ACCACCTACG ACCGGCGCTT TGTCTCAAG ACTGTGTCCA GCGAGGACGT CACGCTTTG 960
 CACAACATCT TAAAGAAATA CCACCAGTTT ATAGTGGAGT GTCATGGCAA CATGGTGGTT 1020
 20 CCACAGTTCC TGGGCATGTA CCCGCTGACC GTGGATGGTG TGGAAACCTA CATGGTGGTT 1080
 ACCAGGAACG TGTTCAGCCA TCGGCTCACT GTGCATCGCA AGTATGACCT CAAGGGTTCT 1140
 ACGGTTGCCA GAGAAGCGAG CGACAAGGAG AAGGCCAAGG ACTTGCCAAC ATTCAAAGAC 1200
 AATGACTTCC TCAATGAAGG GCAGAAGCTG CATGTGGAG AGGAGAGTAA AAAGAACCTC 1260
 CTGGAGAAAC TGAAGCGGGG CGTTGAGTTT TTGGCACAGC TGAAGATCAT GGACTACAGC 1320
 25 CTGCTGGTGG GCATCCACGA CGTGGACCGG GCAGAGCAGG AGGAGATGGA GGTGGAGGAG 1380
 CGGGCAGAGG ACGAGGAGTG TGAGAATGAT GGGGTGGGTG GCAACCTACT CTGCTCTAT 1440
 GGCACACCTC CGGACAGCCC TGGCACACCTC CTCAGCTTTC CTCGGTTCTT TGGTCTGGG 1500
 GAATTGACCC CCTCTGTTGA CGTCTATGCC ATGAAAAGCC ATGAAAGTTC CCCAAGAAC 1560
 GAGGTGTATT TCATGGCCAT CATTGATATC CTCACGCCAT ACGATACAAA GAAGAAAGCT 1620
 30 GCACATGCTG CCAAAACGGT GAAACACGGG GCAGGGGCCG AGATCTCGAC TGTGAACCT 1680
 GAGCAGTACT CCAAAACGCTT CAACGAGTTT ATGCCAACA TCCTGACGTA GTTCTCTTCT 1740
 ACCTTCAGCC GAGACCGAGA GACTGGATAT GGGTCGGGG ATCAGGGACTT AGGGAGAAGG 1800
 GTGTATTTGG GCTAGATGGG AGGGTGGGAG CGAGATCGGG TTTGGGAGGG CTTTAGCAAT 1860
 GAGACTTGCA GCCTGTGACA CCGAAAGAGA CTTAGCTGA AGAGGAGGG GATGTGCTGT 1920
 35 GTGTGCACCA GCTCACAGGA TGTAACCCCC CCTTCTGCTT ACCCTTGATT TTTCTCCCC 1980
 ATTTGACACC CAGGTTAAAA AGGGGTTCCC TTTTGGTAC CTTGTAACCT TTTAAGATAC 2040
 CTTGGGGCTA GAGATGACTT CGTGGGTTTA TTTGGGTTT GTTTCTGAAA TTTCATTGCT 2100
 CCAGGTTTGC TATTTATAAT CATATTTCAT CAGCCTACCC ACCCTCCCCA TCTTGTGA 2160
 GCTCTCAGTT CCCTTCATTAAAGAGATAC CCAGTAGACC CAGCACAAAGG GTCATTGCT 2220
 40 AACCAAGTGC TATGGATGCC AGATTGGAGA GGTAGACAC CTCGCCCTGC TGCATTGCT 2280
 CTTGTCTGGG TTAACCTTGT AATTATGGG GTATTGTGCA CAACTCCTC CACCTTCCC 2340
 TTGGATTCAA GTGAAAATG TTGCATTATT CCTCCATCCT GTCTGGAATA CACCAGGTCA 2400
 ACACCAGAGA TCTCAGATCA GAATCAGAGA TCTCAGAGGG GAATAAGTTC ATCCTCATGG 2460
 GATGGTGAGG GGCAGGAAAG CGGCTGGCT CTTGGACACC CTGGTTCTCA GAGAACCTG 2520
 45 TGATGATCAC CCAAGCCCCA GGCTGTCTTA GCCCTGGAG TTCAGAAGTC CTCTCTGTA 2580
 AGCCTGCCTC CCACTAGGTC AAGAGGAAC AGAGTACCTT TGGATTATC AGGACCTCA 2640
 TGTTAAATG GTTATTTCCC TTTGGGAAAA CTTCAGAAAC TGATGATCA AATGAGGCC 2700
 TGTGCCCTCG ATCTATTTC CTTCTCCTC TGACCTCCTC CCAGGCACTC TTACTCTAG 2760
 CCGAACTCTT AGCTCTGGG AGATCTCCAA GCGCCTGGAG TGCTTTTAG CAGAGACACC 2820
 50 TCGTTAAGCT CGGGGATGAC CTTGTTAGGAG ATCTGTCCTCC CCTGTCCTG GAGAGTTACA 2880
 GCCAGAAAGG TGCCCCCATC TTAGAGTGTG GTGTCACAC GTGAGGTGGC TTCTAGTTA 2940
 CATGAGGATG TGATCCAGGA AATCCAGTTT GGAGGCTTGA TGTGGGTTT GACCTGCC 3000
 CAGCCTTGGG GCTGTGTTT CCTTGTGCC CCGCTCTAGA CTTTAGCAG ATCTGCAGCC 3060
 CACAGGGTCT TTTTGGAAAG GAGTGGCTTC CTCCAGGTGT TCCACCTGCT TCGGAGCCTG 3120
 55 CCACCCAGGC CCTCAGAACT GAGCCACAGG CTGCTCTGGC CAGGAGAGAA ACAGCTCTGT 3180
 TGTTCTGCAT TGGGGGAGGT ACATTCTGC ATCTCTCAC CCCCTCAACC AGGAACCTGGG 3240
 GATTTGGGAT GAGATATGGT CAGACTTGTA GATAACCCCCA AAGATGTGAA GATCGCTTGT 3300
 GAAACCATTT TGAATGAATA GATTGGTTTC CTGCGCTCC CTCCAAACCT GGCCAAGCCC 3360

AGCTTCCGAA GCAGGAACCA GCACTGTCTC TGTGCCTGAC TCACAGCATA TAGGTCAGGA3420
 AAGAATGGAG ACGGCATTCT TGGACTTCAC TGGGGCTGCT GGATTGGATG GGAAACCTTC3480
 TGGAAAGAGGC AGATGGGGT CAAACCACG CCCTTGCCCC AGGAAGGGC CATAGGTAGG3540
 5 TCTGAACAAC TGCGCAAGA CCACTACATG ACTTAGGGAA CTTGAAACCA ACTGGCTCAT3600
 GGAGAAAACA AATTGACTT GGGAAAGGGA TTATGTAGGA ATAATGTTG GACTTGATTT3660
 CCCCACGTCA TAATGAAGAA TGGAAAGTTG GATCTGCTCC TCGTCAGGCG CAGCATCTCT3720
 GAAGCTTGGGA AAGCTGTCTT CCAGCAGCCT CCGTGGCCTC GGGTCCCTAC CGGCTTCTCT3780
 GCATTGGTC TGCTGATCAT GTGCCATAA TGTGTATGGA AAGTGTAAACA CATTCTTACT3840
 GGTTAAAGAC GACTACCAGG TATCTAACCT GTTTAACATT GAGATTGTGT GTGTGTGTGT3900
 10 ATGTTGTGT GTTTGTATA TTGTTTACAT TTTGAGAGGT AGCATTCTGT TTCAAATGCT3960
 TTTTGTTTT CTGACCAGTA TTGTTGACTG GGTCTATAACA TTTTGAGCTG TGGTTGGTGT4020
 GATTTCAAT TTTTTTTT AAAGGTCTT CGCTGTGCTA TCTTCAAAAC CTTGAGTTG4080
 GCCCCAATT TTTGGCATTG AAATGTTAA AAGCTATTAA TCTTGGTTA TACAAGTTTC4140
 CTTCTCTTC TTTTGTCAT GGTATTCTAT TTGGTCTGCA GTTGAATGT AGAGAAAGTGT4200
 15 GACTGATCCC CCAAGCGTTG TCTGCCCTCA CTCTTCCCTC CTTGGGTCCC GCCATTCTT4260
 TACTGGGCAG TCGAGGGCAT TGGAGGGGAA GTGACTGCC TCAGCCTCAC TCCCTGGGC4320
 CATGAAGAAA AGCTAACACAG TCTCATGGCA TCTCAGAATA ATGTTGGTC TCCCAAGAAG4380
 AAAGGTGTAA GAATAACGAC ATGGCTGATT AGGCGAGGCC AGGATAGGGC TAAGGCCAGG4440
 ATTCCTGGCT GGCATCCAGT CACCCCTCTT CCCATCCTTC CCCCTCTTCT TCCACAAGTC4500
 20 CGCAGCCGAG ACACTGTAGT CTCCCAGCCA CAGTGATGAG TGCCCTGGAG ACTCCACTGA4560
 CCTCTAGATG AAGGCCCTG GCCCTGGTTC CTGTTAATTAA ACCTCTGGGT CTTGAGTCC4620
 CCCAGCACAA ACTTCTTCC TGTACCTGC GGCTTGGGGT CACAGGGCAT GCCGGGAAGC4680
 CACAGCTGAG GGGCGCAGAC TGAAGCAGTG CTCCACCTCT CCTTCTTTAG CTCAGGGTT4740
 GCTGGCTGT GGCAGGCAGC ACGAGTGGCC CCTGTGGCTG TTCTCAGTGG CAGTCTCTTA4800
 25 AGTTCCCACC ACAGGCAGCT CTTTATCCCC TCTCCCTACT TGACTCTTC TCTTGCTGT4860
 GCTTTGGCC TCAAACAGGC CTGCTGGTAG CGCTCAGGGC GTGAGGCTAC ACTCCTGCC4920
 TGCCTTCCT GTCTTCATGG TCTGCCAGGG CATAACCTTGG GGAGGTGGAC CAAAGACCCA4980
 GGACTTTTG CAGTAGGCCAG TCCTACCCCC CAGTTGTCTT TTTACCAATT CAGGGTGGGA5040
 GAGAAAATG CAGCACCCCC GCATGTGAGT TACTCAGGTG TTGGGGGCTA GAAGGGACAG5100
 30 TGC GTTTAAA CAACACTCAG AGCTCTGGCC TTAAACCTGT GGCCCCCAA GTCTAGGAGC5160
 CTCATCTCTT CCTGGCAGTC ATGCAGGGCAG GAGGTCTGA AAGGGAAAAC CCATTCAAGAC5220
 AACTGTTCCC CAATCTACCA GCCATCTGCA GGGGTCACTG ACCGTGGCCC TCTCCCTCCT5280
 CTAGAATGTG CCACTTATGA AGAGTCCCCC ATGGGGAAAA GGAGACTCAG CTGTCCCTG5340
 GCAGCTTGTG CCAGTATCCC AGGGCAGAAG TTTCCACAGG AGCCTCTTGC CTTGCGCAG5400
 35 AGCCACTGTG AGAGGCGGTG GGAGCCAACA CCCTTGGGGG AGGGGGCAGT ACTGCTCGGC5460
 ACATCCCAGC ATCAGGTCAAG ATCACTGAAA TTAAAAAAATG TGAATTAAGT TCATATCCAC5520
 CTTTGGGGGA AGCAGGACAA ACCACCACCC CACCAAGTGT GTGACTTCTC CATATCCCAC5580
 TGCA GTTTCC ATT TTAAA TGGGAATTAA CAATCCCCCTG TGCTTGTCTA ACGTCTGCTT5640
 TAAAAAGTTT GAGACCTGT TACTGTTGA AAATGCATGC ATGTTACGAT GAÄTCTCCAA5700
 40 CCTGAGGAAA AAAATAAAAC TCAAAAAGCT TTGTGTAAA AAAAAAAA AAAAGAATGA5760
 GAGGAGAGCA GGGGGCGGG 5779

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2408 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156:

	GCACGCCCTT	CGGCCGCGGC	CGGGCCGCC	GCTCCCTCCT	TCCGCTTGCG	CTGTGAGCTG	60
15	AGGCGGTGTA	TGTGCGGCAA	TAACATGTCA	ACCCCGCTGC	CCGCCATCGT	GCCCGCCGCC	120
	CGGAAGGCCA	CCGCTGCGGT	GATTTCCCTG	CATGGATTGG	GAGATACTGG	GCCTGTTAGG	180
	CCTGTTACAT	TAAATATGAA	CGTGGCTATG	CCTTCATGGT	TTGATATTAT	TGGGCTTCA	240
	CCAGATTCAC	AGGAGGATGA	ATCTGGGATT	AAACAGGCAG	CAGAAAATAT	AAAAGCTTG	300
	ATTGATCAAG	AAGTGAAGAA	TGGCATTCCT	TCTAACAGAA	TTATTTGGG	AGGGTTTCT	360
20	CAGGGAGGAG	CTTATCTTT	ATATACTGCC	CTTACCACAC	AGCAGAAACT	GGCAGGTGTC	420
	ACTGCACTCA	GTTGCTGGCT	TCCACTTCGG	GCTTCCTTTC	CACAGGGTCC	TATCGGTGGT	480
	GCTAAATAGAG	ATATTTCTAT	TCTCCAGTGC	CACGGGGATT	GTGACCCTT	GGTTCCCTG	540
25	ATGTTGGTT	CTCTTACGGT	GGAAAAACTA	AAAACATTGG	TGAATCCAGC	CAATGTGACC	600
	TTTAAAACCT	ATGAAGGTAT	GATGCACAGT	TCGTGTCAAC	AGGAAATGAT	GGATGTCAAG	660
	CAATTCAATTG	ATAAAACCTCCT	ACGTCCAATT	GATTGACGTC	ACTAACAGGC	CTTGTGTAGA	720
	AGTACACCAG	CATCATGTGA	GTAGAGGTGA	AACCTTTCC	CATGCCAGT	CTTCAAATT	780
	CTAATGTTT	GCAGTGTAA	AATGTTTGC	AAATACATGC	CAATAACACA	GATCAAATAA	840
	TATCTCCTCA	TGAGAAATTT	ATGATCTTT	AAGTTCTAT	ACATGTATT	TTATAAGACG	900
	ACCCAGGATC	TACTATATTA	GAATAGATGA	AGCAGGTAGC	TTCTTTTTC	TCAAATGTAA	960
30	TTCAGCAAAA	TAATACAGTA	CTGCCACCAAG	ATTTTTATT	ACATCATTG	AAAATTAGCA	1020
	GTATGCTTAA	TGAAAATTG	TTCAGGTATA	AATGAGCAGT	TAAGATATAA	ACAATTATG	1080
	CATGCTGTGA	CTTAGTCTAT	GGATTATTTC	CAAATTGCT	TAGTCACCAT	GCAGTGTCTG	1140
	TATTTTATA	TATGTGTTCA	TATATACATA	ATGATTATAA	TACATAATAA	GAATGAGGTG	1200
	GTATTACATT	ATTCCTAATA	ATAGGGATAA	TGCTGTTAT	TGTCAAGAAA	AAGTAAAATC	1260
35	GTTCTCTCA	ATTAATGGCC	CTTTTATT	GGGACCAGGC	TTTTTATTTC	CCTGATATT	1320
	TTTCTATT	ATACTCTTT	CTCTCAAGAA	AAAAAA	TTTGT	TCTTATTGT	1380
	CCTTCATAGC	AGGCCAAGTA	TTGCCTCTCT	GCAATAGACA	GCTACTGTCA	ATACATGCTG	1440
	TAATTGACA	TTCTGGTCA	CAGATATAAG	GTATTTAAA	TCTATTATG	CTTTATAGAG	1500
	AAACCAAGACA	TTAAAACCTC	ATGCACTACT	TATTCGAAT	TACTGTACCT	TATCCAATT	1560
	TACACCTAGC	TATTAGGATC	TTCAACCCAG	GTAACAGGAA	TAATTCTGTG	GTTCATTT	1620
40	TCTGTAAACA	ACTGAAAGAA	TAATTAGATC	ATATTCTAGT	ATGTTCTGAA	ATATCTTAA	1680
	GACTGATCTT	AAAAACTAAC	TTCTAAGATG	ATTCATCTT	CTCATAGTAT	AGAGTTACT	1740
	TTGTACACGT	TTGAAACCAA	CTACTGTAGA	AGATGAGGAA	TCTATTGTA	TTTTTGCTT	1800
	TATTTTCATC	TGCCAGTGG	CTTATTGAA	ATTTCACTT	TAGTCAAATT	ATTTTTGTA	1860
	TTAGTTTTG	ATGCAGACAT	AAAAATAGCA	ATCATTAA	ATTGTCAAA	TTTCCAGATT	1920
45	ACTGGTAAAAA	ATTATTGAA	AACAAACTTA	TGGGTAATAA	AGGCTAGTCA	GAACCCTATA	1980
	CCATAAAAGTG	TAGTTACCAT	ACAGATTAAT	ATGTAGCAAA	AATGTATGCT	TGATATTCT	2040
	CAACTGTGTT	AATTTCTG	CTGTATTCCA	GCTGACCAAA	ACAATATTAA	GAATGCATCT	2100
	TTATAAATGG	GTGCTAATTG	ATAATGGAAA	TAATTAGTA	ATGGACTATA	CAGGATGTTA	2160
	ATAATGAAGC	CATATGTTA	TGTCTGGATT	AAAAAATT	AAACAATCAT	TTACTATGTC	2220
50	ATTTTTCTT	ACCTTGAAAGA	ACATAAACTG	TTATTCACT	TCTACAAATC	AGCAAGATAT	2280
	TATTTATGGC	AAGAAATATT	CCATTGAAAT	ATTGTGCTGT	AACATGGGAA	AGTGTAAATG	2340
	TTTTTCATGG	TTTCTATCAA	TGTGAAATAA	AATTTAATT	TGAAAAAAA	AAAAAAAAA	2400
	AAAGAGAG						2408

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1548 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157:

25	CTGGGCTTTC ACGCTGCTGT GCGAGGAAC GCGCCAGAGC CTGAGCGGAG GCTGGGGCA 60
	GCCTCGCCAG CGGGGGCCCC GGGCCTGGCC ATGCCCTACT GAGCCAGCGC CTGCGCTCT 120
	ACCTCGCCGA CAGCTGGAAC CAGTGCAGCC TAGTGGCTCT CACCTGCTTC CTCCTGGCG 180
	TGGGCTGCCG GCTGACCCCCG GGTTTGTACC ACCTGGGCCG CACTGTCCTC TGCATCGACT 240
	TCATGGTTTT CACGGTGCAG CTGCTTCACA TCTTCACGGT CAACAAACAG CTGGGGCCA 300
	AGATCGTCAT CGTGAGCAAG ATGATGAAGG ACGTGTTCTT CTTCCCTCTC TTCCCTGGCG 360
30	TGTGGCTGGT AGCCTATGGC GTGGCCACGG AGGGGCTCCT GAGGCCACGG GACAGTGACT 420
	TCCCAGGTAT CCTGCGCCGC GTCTTCTACC GTCCCTACCT GCAGATCTC GGGCAGATT 480
	CCCAGGAGGA CATGGACGTG GCCCTCATGG AGCACAGCAA CTGCTCGTCG GAGCCCGGCT 540
	TCTGGGCACA CCCTCCTGGG GCCCAGGGGG GCACCTGCGT CTCCCCAGTAT GCCAACTGGC 600
	TGGTGGTGCT GCTCCTEGTC ATCTTCCTGC TCCTGGCCAA CATCCTGCTG GTCAACTTGC 660
35	TCATTGCCAT GTTCAGTTAC ACATTGGCA AAGTACAGGG CAACAGCGAT CTCTACTGGA 720
	AGGCGCAGGT TACCGCCTCA TCCGGGAATT CCACTCTCGG CCCGCGCTGG CCCCGCCCTT 780
	TATCGTCATC TCCCCACTTGC GCCTCCTGCT CAGGCAATTG TGCAAGGCAC CCCGGAGCCC 840
	CCAGCCGTCC TCCCCGGCCC TCGAGCATTT CCAGGGTTTAC CTTTCTAAGG AAGCCGAGCG 900
	GAAGCTGCTA ACGTGGGAAT CGGTGCATAA GGAGAACTTT CTGCTGGCAC GCGCTAGGGA 960
40	CAAGCGGGAG AGCGACTCCG AGCGTCTGAA GCGCACGTCC CAGAAGGTGG ACTTGGCACT 1020
	GAAACAGCTG GGACACATCC GCGAGTACGA ACAGCGCTG AAAGTGTGG AGCGGGAGGT 1080
	CCAGCAGTGT AGCCCGTCC TGGGGTGGGT GGCCGAGGCC CTGAGCCGCT CTGCCTTGCT 1140
	GCCCCCAGGT GGGCCGCCAC CCCCTGACCT GCCTGGGTCC AAAGACTGAG CCCTGCTGGC 1200
	GGACTTCAAG GAGAAGCCCC CACAGGGGAT TTTGCTCCTA GAGTAAGGCT CATCTGGGCC 1260
45	TCGGGEEEEE—CACCTGGTGG—CCTTGTCCCT—GAGGTGAGCC—CCATGTCCAT—CTGGGCCACT 1320
	GTCAGGACCA CCTTTGGGAG TGTCACTCCT ACAAAACCACA GCATGCCCGG CTCCCTCCCAG 1380
	AACCAGTCCC AGCCTGGGAG GATCAAGGCC TGGATCCCAG GCGTTATCC ATCTGGAGGC 1440
	TGCAGGGTCC TTGGGGTAAC AGGGACCCACA GACCCCTCAC CACTCACAGA TTCCCTCACAC 1500
	TGGGGAAATA AAGCCATTTC AGAGGAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA 1548

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2319 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158:

	AACGTCATTG	GTAACAGCAA	GTCCCCAGACÀ	CCAGCCCCCA	GTTCCGAAGT	GGTTTTGGAT	60
	TCAAAGAGAC	AAGTTGAGAG	AGAGGAAACC	AACCATGAGA	TCCAGGGAGGG	GAAAGAAGAG	120
25	CCTCAGAGGG	ACAGGCTGCC	GCAGGAGCCA	GGCCGGGAGC	AGGTNGTGGA	AGACAGACCT	180
	GTAGGTGGAA	GAGGCTTCGG	GGGAGCCGGA	GAACTGGGCC	AGACCCCACA	GGTGCAGGCT	240
	GCCCTGTCAG	TGAGNCCAGG	AAAATCCAGA	GATGGAGGGC	CCTGAGCGAG	ACCAGCTTGT	300
	CATCCCCGAC	GGACAGGAGG	AGGAGCAGGA	AGCTGCCGGG	GAAGGGAGAA	ACCAGCAGAA	360
30	ACTGAGAGGA	GAAGATGACT	ACAACATGGA	TGAAAATGAA	GCAGAATCTG	AGACAGACAA	420
	GCAAGCAGCC	CTGGCAGGGG	ATGACAGAAA	CATAAGATGTT	TTTAATGTTG	AAGATCAGAA	480
	AAGAGACACC	ATAAAATTAC	TTGATCAGCG	TGAAAAGCGG	AATCATACAC	TCTGAATTGA	540
	ACTGGAATCA	CATATTTCAC	AACAGGGCCG	AAGAGATGAC	TATAAAATGT	TCATGAGGGA	600
35	CTGAATACTG	AAAACTGTGA	AATGTACTAA	ATAAAATGTA	CATCTGAANG	ATGATTATTG	660
	TGNAAAATT	AGTATGCACT	TTGTGTAGGA	AAAAATGGNA	ATNGGTCTTT	TAAACAGCTT	720
	TTGGGGGGNT	ACTTTNGGAA	GTGTCTNAAT	AANGGTGTCA	CNAATTNTTG	GNTAGTANGG	780
	TATTCGTGA	GNAAGNNTTC	AACACCAAAA	CTNGGAACAT	AGTTCTCCTT	CAAGTGTGTTG	840
40	CGACANCAGGG	NNGCTTCTG	ATTCTGGAAT	ATAACTTTGT	GTAAAATTAAC	AGCCACCTAT	900
	AGAAGAGTCC	ATCTGCTGTG	AAGGAGAGAC	AGAGAACTCT	GGGTTCCGTC	GTCCTGTCCA	960
	CGTGCTGTAC	CAAGTGTGTTG	TGCCAGCCTG	TTACCTGTTC	TCACTGAAAA	GTCTGGCTAA1020	
45	TGCTCTTGTG	TAGTCACTTC	TGATTCTGAC	AATCAATCAA	TCAATGGNCC	TAGANGCACT1080	
	GACTGTTAAC	ACAAACGTCA	CTAGNCAAAG	TAGNCACNA	GCTTTAAGTC	TAAATACAAA1140	
	GCTGTTCTGT	GTGAGAATT	TTTAAAAGGC	TACTTGTATA	ATAACCCCTTG	TCATTTTTAA1200	
	TGTACAAAAC	GCTATTAAGT	GGCTTACAAT	TTGAACATT	GTGGNTCTTT	ATTTACTTTG1260	
	CTTNCGTGTG	TGGGCAAAGC	AACATCTTCC	CTAAATATAT	ATTACCAAGA	AAANGCAAGA1320	
50	AGCAGATTAG	GNTTTTGAC	NNAAAACANA	ACAGGCCNN	AAAGGGGGCN	TGNACCTGGA1380	
	GCAGAGCATG	GTGNAGAGGC	AAGGCATGNA	GAGGGCAAGT	TTGTTGTGGA	CAGATCTGTG1440	
	CCTACTTTAT	TACTGGAGTA	AAANGAAAAC	AAAGTTNCAT	TGATGTCGNA	AGGATATATA1500	
	CAGTGTNAG	AAATTNNAGG	NACTNGTTN	AGAAAAAACAG	GAATACNNAA	TGGNTTGNNT1560	
	TTTATCATAN	GTGNTACACA	TTTAGCTTGT	GGNTAAATNG	ACTCACAAAA	CTGANTTTA1620	
	AAATCAAGTT	AATGTGAATT	TTGAAAATTA	CTACTTAATC	CTAATTCA	ATAACAATGG1680	
	CATTAAGGTT	TGACTTGAGT	TGGTTCTTAG	TATTATTTAT	GGTAAATAGG	CTCTTACACAC1740	
	TTGCNAAATA	ACTGGNCCAC	ATCATTAAATG	ACTGACTTCC	CNAGTAANGG	CTCTCTAAGG1800	
	GGTAAGTNAG	GAGGATCCAC	AGGATTGAG	ATGCTAAGGC	CCCAGAGATC	GTTTGATNCC1860	
	AACCCTCTTA	TTTCNAGAG	GGGAAAATGG	GGCCTNAGNA	AGTTACANGA	GCATCNTNAG1920	

CNTGGTGC_G TGGNCACCCC NTGCCNTCN ACACNAGACT CCCNGAGTAG CTGGGA_NCTA1980
 CAGGCACACA GTCACTGAAG CAGGCCNTG TTTGCAATT_C ACGTTGCCNA CCTNCCAA_CN2040
 TTAAACATTN CTTCATATGT GATGTCCTTA GTCACNTAAG GTTAAANCTT TNCCCACCCA2100
 5 GAAAAGCAA CTTAGATAAA ATCTTAGAGT ACTTCATAC TCTTCTAANG TCCTCTCCA2160
 GCCTCACTTT GAGTCCTCCT TNNGGGTTGA TNNNAGGAAT TTTCTCTTG_C TTTCTCAATA2220
 AAGTCTCTAT TCATCTCATG TTTAATTGT ACGCATAGAA TTGCTGAGAA ATAAAATGTT2280
 CTGTTCAACT TANNNNNAAA AAAAAAANAA AAAAAAAA
2319

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1467 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159:

35

CGAGGACC_{GG} CCTTGC_GGAGC GGCGACGACT ATAAAATGGC GCGTGTGCA ACCCGCGCCC 60
 GCTTCGGAGA GAGAAATGCT GGGGTGCAGC TTGAAGCTTA GGACCA_{CCCC} CCATGCCTAT 120
 CCAGGTGCTG AAGGGCCTGA CCATCACTCA TTAAGAACAG AGGAGGCTGC CTGTTACTCC 180
 TGGTGTGCA TCCCTCCAGA CACTCTGCTG TTTCTGCCT AGGCGTGGCT GCAGCCATGG 240
 CTAGGAAAGC GCTGCCACCC ACCCACCTGG GCCAGAGCTG GTTCTGCTCC TGCTGCAGGG 300
 40 ACACTGAGCT GGCTATCTCG GCGCTTC_{GG}GG CAAGAACTGC AACAGGCTCT CCTGGGT_CCT 360
 GCAGGGTGTAC AGCCGGGCC CTGCCTGTG CCTCAGCTCT CGAGAGCTGC TGCTGCC_{GG}GG 420
 TGACCTGATC CAACCTGATA AGGTGCCATC TTCAGCTACC ACTGCAAGGC CCTGAGGGCA 480
 ACAGCAGCAC GGCACTGCC ACCCGGCTGC TGATGCC_TGTG_CCAGCTG GGAGTCC_TCC 540
 CGGCAC_TCG AGGCCACTGA GCCACCC_TTC CAGCCCCAGC CCACCATGG_A CAGGGGTATC 600
 45 CAGCTTC_TTC CTCACAC_TCG T_CCTCTGCC_CCTGAGGCCAGT GACGCCAAG GACATGCC_TG 660
 TTACCCAGGT CCTGTACCA_G CACTAGCTGG TCAAGGGCAT GACAGTGTG GAGGCCGTCT 720
 TGGAGATCCA GCCCATCA_T GGCAGCAGGC TGCTCTCCAT GGTGCCAGGG CCCGCCAGGC 780
 CACCAGGCTC ATGCTGGAC CCAACCCAGT GCACAA_GGGAC TTGGCTGTG AGCCACACAC 840
 CCAGGAGAAG GTGGATAAGT GGGCTACCAA GGGCTTC_TCTG CAGGCTAGGG GAGGAGGCCAC 900
 50 CCCCCGCTTCC CTATTGTGAC CAGGCC_TATG GGGAGGAGCT GTCCATACGC CACCGTGAGA 960
 CCTGGGCTG GCTCTCAAGG ACAGACACCG CCTGGC_TGTG TGCTCCAGGG GTGAAGCAGG1020
 CCAGAATCCT GGGGGAGCTG CTCC_TGGTT GAGCTGCATT CAGGAAGTGC GGGACATGGT1080
 AGGGGAGGCA AAAAGCCTTG GGCAC_TACCC TCCCTGTGGA GCTGTT_TCGGT GTCCGTC_GGAG1140

CTAGCCACAC CCTGACACCA TGTTCAAGGG TACCGGAAGA GAAGGGTGTG TGCCCCAAC 1200
 CTCCCCTGTG GGTGTCACTG GCCAGATGTC ATGAGGGAAAG CAGGCCTTGT GAGTGGACAC 1260
 TGACCATGAG TCCCTGGGG GAGTGATCCC CCAGGCATCG TGTGCCATGT TGCACCTCTG 1320
 CCCAGGCAGC AGGGTGGGTG GGTACCATGG GTGCCACCC CTCCACCA TGGGGCCCCA 1380
 5 AAGCACTGCA GGCCAAGCAG GGCAACCCCA CACCCATTGAC ATAAAAGCAT CTTGAAGCTT 1440
 TTAAAAAAA AAAAAAAA AAAATAA 1467

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1348 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160:

CGTAACTGCA GGTTGTGTGA GTGCGTTAAA AAAAAAAA AAAAAAAGAA TCCCTATACC 60
 35 TCATTGTAT TTTTAAATG CGTGATGTT TATGAAATTG TGTCCATTGTT TTAGGTATTA 120
 GATATGGCAG AAAAACCAATT TCCACTATGC AAAGTTCTTT TAGACGTCAG TGAAAATCAA 180
 CTCTCATACC TCATGGCTC TCTTTAATTG ACCAAAACCT TCCATTTC TCTAAATACA 240
 AAGCGATCTG TGTTCTGAGC AACCTTCCC CGAACACACCA GCTTCAGTGC AGCACGCTGA 300
 CCTGAGTATC CACCATGTGC CAGGCACAGT GCTGGGCACA CGAGGCACCA AGGTCCGGGC 360
 40 CACCTGCCCG CAGCAAGGCC CAGCTGAGGT GGTGGAGGGG GCCCCTGAGG TCAGGGGCCG 420
 TTTCGGTTCA GGGTGGCAGG TGTCCAGCAC TGGGGTATGG CGTCGAGGCT TCCATGGGGT 480
 GGGGGAGGCC AGCTTCTTC TGACAGGATG GGCACATACA GTGCCTGGTG TGATTTGTGC 540
 ACAACCCGTG TTCCAGGTGC ACATCCTCCC AAGGAGACAC CCAGACCCCTT CCAGCACGGG 600
 CCGGCCAAGT TGCTGGCG GAGGCAGCAT TTCAGCTGTG AGGAAGGTCA TTGGATTCAT 660
 45 GTGTTTATC TGTAAAAATG GTTGTCTTAA CTTCTTAACC TCATATTGGT AAGTGTATTGA 720
 TAAAAATTGG TTGGTGTTC ATGACATGTG GACTTCTTT GAAATAGCAA GTCAAATGTA 780
 GTGACCAAAT TGTGGAAGAG ATTTCTGTCA AATAGGAAAT GTGTAAGTTC GTCTAAAAGC 840
 TGATGGTTAT GTAAGTGCT CAGGCACCTCA GATGACAGCA GATTCTGGGT TCTGGAGTG 900
 TTCTGTGCCT CTTACATGCC CTGGAGGCCT CATGGTCTCA GTGCTGAGGC GGCACACCTG 960
 50 TAGCACACCT GCGTAATGTG CGGTCTGGGC CAGTCACAAAG GAATTGTGTT GTCTAAGCCA 1020
 AAGGGGGAAG CTGACTGTGA TTTACCAAAA AAAATTCTGT AATTCAAACC AAAATGTCTG 1080
 CGGAATCACC AGTTTGATAC TCTCTGTAAT CAGAACAGTG GGCAGTGCCT GGGTGAACGT 1140
 GTCTAGCAGC CACTGTGCGG GATCGCTGTA ACAGGAGTGG AATGTACATA TTTATTTACT 1200

TTTCTAACTG CTCCAACAGC CAAATGCCTT TTTTATGACC ATTGTATTCA GTTCATTAC¹²⁶⁰
AAAGAAATGT TTGCACTTTG TAATGATGCC TTTCAGTTCA AATAAATGGG TCACATTT¹³²⁰
AAATGGAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA 1348

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1290 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

20 (v) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vi) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161:

30 CCCAACTCCA CCCAGGGATC CTGGTGTACG GGCTGACCTG TTATGCTTT CTGCCCTTCG 60
GCCCTTGGG GAGCCACGGC GGGAGGTGGA GATCCACCGG CGATATGTGG CCCAGTCGGT 120
CCAGCTCTT ATTCTCTACT TCTTCAACCT GGCGTGCTT TCCACTTACC TGCCCCAGGA 180
TACCCCTAAA CTGCTCCCTC TGCTCACTGG TCTCTTGCC GTCTCCCGGC TGATCTACTG 240
GCTGACCTTT GCCGTGGGCC GCTCCTTCCG AGGCTTCGGC TACGGCCTGA CGTTCTGCC 300
-ACTGCTGTG- ATGCTGATGT GGAACCTCTA CTACATGTTC GTGGTGGAGC CGGAGCGCAT 360
GCTCACTGCC ACCGAGAGCC GCCTGGACTA CCCGGACCAC GCCCCGCTCGG CCTCCGACTA 420
CAGGCCCGC CCCTGGGGCT GAGCCTCTCC GCCCTCGCCC TCGGAGTAGG GGGTAGCGGC 480
TTGGGTCTGA CACATCTTG AACCTGTGG CCAGGCCTGG ACTTCGCCCG CAGGCCTAGG 540
40 ACCGCGGTGG GTGGAACCCCT GCTACTGCC CAACAGGGAC TCCAATCAAT CGGAGTCTC 600
CCCTTGCCGG AGCTGCCCTT CACCTTGGA GCCCGAGACA GTCATAAGGG ATGGACTTAG 660
TTTTCTTGCA GGGAAAAGG TGGACAGCCG TGTTTCTTAA GGATGCTGAG GGCATGGGC 720
CAGGACCAGG GGAGAGGCAC AGCTCCTTCC TGAGCAGCCT CTCACCACTG CCACAAGGCT 780
CCCTAATGCT GGTCTCTGCT CCACCTCCCG GCTTCCCGT AGGCAGGAGG CAGAGCCACA 840
45 GCCAAGGCC-TGACCACCTC-TGTGCCAGTT-GTCTAACGAG-AGCGCCTCAG GGACGCTGGA 900
AATGCCTTAA GGATAGAGGC TGGGCATCAC ATCAAATGGG ACTGTGGTGT TTGGTAAAAA 960
CCTTCCTGAG GATCTGGATT CAGGACCCCTC CATGACTGGC CTATTACTG TTTACAGCTG1020
GCCAGTGCAG AGCTGCTGCT CTTTACCTT TTTAGGCCCG TGTAACCTCC CACCTTAAA1080
50 CTGCCAGAA GGCATGCCCTC TCCCACAGGA AGAGGGGAGC AGACAGGGAA ATCTGCTAC1140
CAAGAGGGGT GTGTGTGTCT TTGTGCCAC ACGTGGTGGC TGGGGAGTGC CTGGATGGTGT1200
CGGTGGTTGA TGTTAACCTA GTGTGTGTGT GTGTGTGTGT GTGTGTGTGT1260
GTGTAACAAT AAATTACTAC CAGTCAAAAA 1290

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 2912 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162:

25 GTCGACCGTG GCCGCTGGCT GGCTGGACAG GCGGGTGTGA GGAGTTGCAG ACCCAAACCC 60
ACGTGCATTT TGGGACAATT GCTTTTTAAA ACGTTTTAT GCCAAAAATC CTTCATGTG 120
30 ATTTTCAGAA CCACGTCAGA TATAACCAAGT GACTGTCTGT GGGTTTGAC AACTGTGGAA 180
AGGCCAGCAG AAAACTCCGG CGGTCTGAGG CCATGGAGGT GGTTGCTGCA TTTGAGAGGG 240
AGTAGGGGGC TAGATGTGGC TCCTAGTGCA AACCGGAAAC CATGGCACCT TCCAGAGCCG 300
TGGTCTCAAG GAGTCAGAGC AGGGCTGGCC CTCAGTAGCT GCAGGGAGCT TTGATGCAAC 360
TTATTGTAA GAAGGATTAA TAAATTTTT ATGGGTAGAA TTGTAGTCAG GAAAACAGAA 420
AGGGCTTGAA ATTTAATAAG TGCTGCTGGA AGGGGATATT CCAAGCCGGC AAGAGGATTC 480
35 AGCAGCTGTG GTGGGAAAC ATTTCTCTG AAAGACTGAA CGTGTTCCTT CATGACAGCT 540
GCTCAAAGCA GGTTCTGAG ATAGCTGACC GAGCTATGGT AAATCTCTT GTCAAATTAC 600
GAAAACCTCA GGGTGAAATC CTATGCTTCC ATGTACATTA CATGGCTTAA GATTAAACAA 660
AAACATTTT CAAGTCTCTA ACTAGAGTGA ACTCTAGAGC ACAGTAGTTC AGAAAACATT 720
40 TAGAGCTTCC AGGATATATT TCACAGCTTC AGGCATGTGA TCAGTTAGAG CCGATGAAAC 780
CTATGCCGC CTGTATATAT ATTAGCAGCT TAGCTAGTTC ATAACCTGTA TATTCTAAAG 840
ACTGCTAAGG TTTTGTTC ATTAAATC CTAGCTGATT GTTGTGGTCA ATGAAATACC 900
CAGTTCTGG AGGGNCCAGG TGGGAAATGC TTCACTGGA CCAACACACA AATGATCATC 960
CTGNAGGATC TGAGCTCCC TANGACTCCA CACAATAACN GTTGGGGCAC CCNTTTTANG1020
AGAAGACTGT TGAAACCCAC AGCACTCGTT GGGGTATGAG GAAACCAGGG NCTTGGCACA1080
45 GGAAGTTCCC CTTTGTAGCT AAAAGTCCAG AAAGAAAGGG TTCACTTTTG TGACTTCAA1140
CTGATATTGG GAAGTTGGT TGAGGTTCAA GTGTGACTCC TTCCAGAGCC ACAGGTAGGG1200
GAGTGTGAAG TTGAGGGGA GGAAAGCTGG AAGGACTCTG CCTTGGGAGA TTCCAGCTC1260
TGCTTCCAG CGCTTGGTGG NAATCTGGC TGGGGAAAGA CNGGCACCN GGAAACTCTG1320
CTTCCCCATT GTTCCATCT GATCAGCTGT GGTGTGAGGA CTTCAGAC AAAGGCAAGG1380
50 CCTCNGTGCC CCTGCCAGC CCATTCACTGG AGCCCTGGC CTTCTGGCT TCCATAGATC1440
CTAAGCTCTT GACTGTAGTT TAGCCAGACT TGTTTGCTA TCTTATNAAG CAGTTCAGAA1500
TTANGGGAAT GCTGGTTTG AAGAGCAAAG GACAGGTAGT CTAGNAGAGG GNTCGTCTGG1560
NCCTGCTTGC TGGGNTCNNT TTGTAACCCA GCACCTCCNT CTTGCCCTCC TGGCTTTATG1620

TTTATNGGGG AGAGGACTCA ATNAGCTCCA CCCCTTCTTG GCACCATG GGGCTTGGT1680
 TAGTTNGCA ATAAGCACCT TGCAGANGGN TTAAAGCCAG CGGGTCCCNT AGTCTNNAG1740
 GCCCAGCCTG CTGTGTGTGG GCTCTGGCCT GGCCTGGTGG CTGGCCCAGG GCGGAGCAAG1800
 TGCTTAGAGC TTCTGCAGGG CTTCTCTTGT TTACACAGCT GCATCAGACA ATGCCATTTC1860
 5 TCCCCACCAC GGAACCTTC ATCTAAGATT TCTTCCANG GAATGCCAGC AATCAGGCAG1920
 CACCCAGCTG TGGGGCAGT GGGGTGGGG AGACCCACAT TGATGACTTT TTTTTTTCT1980
 TTTAATGAAG AAACACAAA GAAAGCTGTG GAAAGGACCT GCCCCACATG AAAAGGATAA2040
 GCCAAGATGG CTGTAAACAC AGAGCATTG AGCTGCCACT CTTGGAGCAC ATTGATTTT2100
 CAAAAGCCAG CTCTGTCAGG AAAGGAGGTG CTGTTATGAG CAGCTCTTCC AGTGGGNCAA2160
 10 AGAGGACGCC CATNAATTTC TTCCATTGCT AGCTCATCTG TGGGGACCAA TTGGGTGTTA2220
 AGCAACCTGT GGCCTGCACT TGTGGCCTCG AAGGAAGCAC AAACCCCTCCA TCCACTTCCC2280
 ATTCCTCTG CCCTTTCCA CCTCCCCCTT CCATCCCACC AGCTGCCNAG TGGCTNCCCA2340
 GAAAGCCTA TTGAGCCCCT TGTTGACACT TGGGGCTGCG GNAGGCCTCT CCCNTACTGG2400
 TCTGGCCTT CCTGAGAGGC AGGTCTTCCG TCCTCAGAGC CTTTCTGGAA CAAGGAGAAT2460
 15 GCCTGTGNNC AGGTGGNNAC ACNACNAGGC CTGGCCTGTN CGCTNCTCNA CTTGTCTTNC2520
 CAGCGGGGAN GCTTNACAGT TGCCNGAGTG GAANGAANCC ATGACCNNTC CACTTNGCTT2580
 NCCAAGGNTG NCTAGGAAG TTTCAGGGTA CGCTGGNTTC CCCTCNTCCA GCTGGANGGC2640
 CGAGTTTCTG GGGNACNTGC AGATTTTNC TACTCTGTGA NTCGATTCAA TGCCCGATGC2700
 TTCTGTTNC ATTCCCGACC CTTTCTACTA TGCACTTCC TTTTATCAGG TGTATAAAGT2760
 20 TAAATACTGT GTATTATCA CTAAAAAGTA CATGAACCTA AGAGACAACT AAGCCTTCG2820
 TGTTTTCCA CAGGTGTTA AGCTTCTCTG TACAGTTGAA ATAAACAGAC AGCAAAATGG2880
 TGCCAANAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AA 2912

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 850 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs.

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

50

CCGTGTGTA CGGCGGACTT CTCGCGCAGT GAATGACCTG GAAGTGATGC CTAAAGCTGT 60
 GGACCGCGCG GGATCGCCTC CCTGGGACTA GGTTTCAGCG GCCGCTGCGA TGACCAAAAT120
 AAAAGCAGAT CCCGACGGGC CCGAGGCTCA GGCGGAGGCG TGTTCCGGGG AGCGCACCTA180
 CCAGGAGCTG CTGGTCAACC AGAACCCCAT CGCGCAGCCCC TGGCTTCTCG CCGCCTCACG240

CGGAAGCTCT ACAAAATGCAT CAAGAAAGCG GTGAAGCAGA AGCAGATTG GCGCGGGGTG 300
 AAAGAGGTTTC AGAAATTGTT CAACAAAGGA GAAAAAGGGA TCATGGTTT GGCAGGAGAC 360
 5 ACACTGCCCA TTGAGGTATA CTGCCATCTC CCAGTCATGT GTGAGGACCG AAATTTGCC 420
 TATGTCTATA TCCCCTCTAA GACGGACCTG GGTGCAGCCG CAGGTCCAAG CGCCCCACCT 480
 GTGTGATAAT GGTCAAGCCC CATGAGGAGT ACCAGGAGGC TTACGATGAG TGCCTGGAGG 540
 AGGTGCAGTC CCTGCCCTA CCCCTATGAG GGGCTCCGGT AGCACCTGGG CACCTGCCGC 600
 TGGAAGCTAT TGGGCTGGCA GCAGGACCGAC TGGCTGTCCT CCTGCCACC CACACTGACG 660
 GCATCTTCCC AGTTCCCAA GGCACGCCCT CTTCCCAGGC AGCTCTAACAA GCCCTTTCAT 720
 10 GAAGGTAATG CTAGTCTTCT GTCCATCAGT GCCATTCCT GTAGAACTAA AGGCTGTTCC 780
 AAGAATGTGG GGTGGGGAAA GTAAATGCTA AGACTAAAAA AAAAAAAAAA 840
 AAAAAAAAAA 850

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2223 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164:

40 GGTGGGTGGA GCCAGGCTTG CGGGGCTGTG CGTGCTCGCG GTGGGCGGTG GCGGCGGCTG 60
 CCTCGCGAAG GTTCGAGATC CGTCGCGTGC GGGAGGCGGG CCGCGATCTT GCGCAGGGTC 120
 GGTGTGGCG CAGGCTGCAG CGCCGCGACT CGTGCAGGT GGCAGTCTGCG CTCGGTTGA 180
 GGGCTCGCG CGGGGTTTCC TGTTCTTCT TCTGCGCGC TGCAGCTCGG GACTTCGGCC 240
 TGACCCAGCC CCCATGGCTT CAGAAGAGCT ACAGAAAGAT CTAGAAGAGG TAAAGGTGTT 300
 GCTGGAAAAG GCTACTAGGA AAAGAGTACG TGATGCCCT ACAGCTGAAA AATCCAAGAT 360
 45 TGAGACAGAA ATCAAGAACAA AGATGCAACA GAAATCACAG AAGAAAGCAG AACTTCTTGA 420
 TAATGAAAAA CCAGCTGCTG TGGTTGCTCC CATTACAACG GGCTATAACGG TGAAAATCAG 480
 TAATTATGGA TGGGATCAGT CAGATAAGTT TGTGAAAATC TACATTACCT TAACTGGAGT 540
 TCATCAAGTT CCCACTGAGA ATGTGCAGGT GCATTCACA GAGAGGTCA TGTGATCTT 600
 GGTAAAGAAT CTAAATGGGA AGAGTTACTC CATGATTGTG AACATCTCT TGAAACCCAT 660
 50 CTCTGTGGAA GGCAGTCAA AAAAGTCAA GACTGATACA GTTCTTATAT TGTGTAGAAA 720
 GAAAGTGGAA AACACAAAGGT GGGATTACCT GACCCAGGTT GAAAAGGAGT GCAAAGAAAA 780
 AGAGAAGGCC TCCTATGACA CTGAAACAGA TCCTAGTGAG GGATTGATGA ATGTTCTAAA 840
 GAAAATTAT GAAGATGGAG ACGATGATAT GAAGCGAACC ATTAATAAAG CCTGGGTGGA 900

ATCAAGAGAG AAGCAAGCCA AAGGAGACAC GGAATTTGA GACTTAAAG TCGTTTG 960
 AACTGTGATG TGATGTGGAA ATACTGATGT TTCCAGTAAG GGAATATTGG TGAGCTGCAT 1020
 ATATAAATTG GACAGATAGC TATTTACATA GCCTTCTAAG TAAAGGCAAT GAATTCTCCA 1080
 5 TTTCTACTG GAGGATTAT TAAATAAAA TATGCTTATT AAACACTCCT GCAAAGATGG 1140
 TTTTATTAGT ACCCTGGTCA TTTTGTCAA GGAAGGGTTA TATTGCATTC TCACGTGAAA 1200
 TATAAAAAGC AAGTCTGCC CAATAAAAAC GCTACATTGT GTGTATTGTT TGTCAGCTA 1260
 AGAATTGGAA AAGTATTGTC TTGCCTTTA AGTTACTGAC ATCAGCTTCC ACCAGTGTAA 1320
 AAATTGAGTA AACCTGAAAG TTTGCATAA AATGCAAATC GGTGCCTGTG CTTGAAGGTT 1380
 GCTGTAGAGC ATCTGACCCC TTATTACCAC CTTAAGCAAT GTATATGCCA TGCATTACCA 1440
 10 TGCACTAATT CAATCACAGG TGTTTCTATC TAGATTTAAA TATATTGTC AATGAATGTG 1500
 GAATAGAAAA TCTAACATG ACAATAATAG ACATATCTT GTATGGTACC AGTTAGTTT 1560
 GCCGTGGATC AGATGGTTA TAAAAGTAAT AACCATAAAG CAAAAAAATAA TTTGAAAGCC 1620
 CGTCTATTCC TATGCTCAAT AAAGTTAAGT TTTCTTCAT TAGAACAGTT TTATGATTTA 1680
 TTTGTCTAGG AGTATGTCAG AAAATCAGG CTTTTAGTAG GAATTACTCC TATTCCCCCT 1740
 15 GAAGTCAGGA CCAGTGCCTG TGATCTCCAT TACCTTATT TCCTGGAGGT ATTAGCCAAC 1800
 ACAGTTAGAT CAGAGAAAGC AATTGAAGCC AGGCATGAAG TGGCGCCCGT AATCCCAGCT 1860
 ACTAAGGCTG GAGGATCACT TCAGCCCAGG AGTTTAAGGC TGCACTGAGC TATGATGATG 1920
 CCACTGTACT GCAGCTGGG TAACAGATTG AGAACCTGTC TCATTAACAA AAAAAAAAAA 1980
 20 AAAAAAGCCG TTAGACACAC AGGAAAAATC CAGAAGGGTA AACTAAACTA AAGTCCAATT 2040
 AATATGGGAA TTTGGAAGAA GTGGTAGGAT TTAAAATACA GAACCAGTTT ATGTTAGGAT 2100
 AGTATAAGTA AATCTGAACAA CATTATGCC TCTGTAATTG GGGTTGCACA TGACAGATGG 2160
 CAGCACAAATC ATTGAAAAGTT CAGATATGGT AAAGTGGGTA GATGGTTTA TGTCTAGTAC 2220
 TGA 2223

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 547 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 30 (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165

	QDFIGGEPTP GRYCHGGFGV LLSRMLLQQL RPHLEGCRND IVSARPDEWL GRCILDATGV	60
45	GCTGDHEGVH YSHLELSPGE PVQEGDPHFR SALTAHPVRD PVHMYQLHKA FARAEERTY	120
	QEIQELOWEI QNTSHLAVDG DRAAAWPVGI PAPSRPASRF EVLRWDYFTE QHAFSCADGS	180
	PRCPLRGADR ADVADVLGTA LEELNRRYHP ALRLQKQQLV NGYRRFDPAR GMEYTLSDLQ	240
	EALTPQGGRR PLTRRVQLLR PLSRVEILPV PYVTEASRLT VLLPLAAAER DLAPGFLEAF	300
	ATAALEPGDA AAALTLLLY EPRQAQRVAH ADVFAPVKAH VAEERRFPG ARVPWLSVQT	360
50	AAPSPLRLMD LLSKKHPLDT LFLLAGPDTV LTPDFLNRCR MHAISGWQAF FPMHFQAFHP	420
	AVAPPQGP GP PELGRDTGRF DRQAASEACF YNSDYVAARG RLAAASEQEE ELLESLDVYE	480
	LFLHFSSLHV LRAVEPALLQ RYRAQTCSAR LSEDLYHRCL QSVLEGLGSR TQLAMLLFEQ	540
	EQGNST*	547

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

5 (A) LÄNGE: 268 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 166

TAAACMPSPA GRPSFPCISK PSTQLWPHHK GLGPQSWAVT LAALIARQPA RPASTTPTTW	60
20 QPVGAWRQPQ NKKRSCWRRAW MCTSCSSTSP VCMCCGRWSR RCCSATGPRR AARGSVRTCT	120
TAASRACLRA SAPEPSWPCY SLNRSRATAP DPTLSPWAVA WPHPTPLLPQ NQSHLPASLG	180
RAGRSQTPSW PTGPLSGSVG PWALDKHWGT CPQSHPLLIP NPVSLPPDAA DSGCGLHVFM	240
QYSLPDASPA SGPWGLGCRR VVGEEGGS*	268

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

30 (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 167

MKRQLGRLLL LRRVLDPLLC DFLDSQDSGS LCFCFRWLLI WFKREFPFPD VLRLWEVLWT	60
45 GLPGPNLHLL VACAILDMER DTLMMSGFGS NEILKHINEL TMKLSVEDVL TRAEALHRQL	120
TACAEGPTTC RRSGVGGRP	138

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

50 (A) LÄNGE: 251 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

15 RHWGAGVDRL NYEDHCFSGH ATMHAENLWP GRLSSVQQIL QLSDLWRLTL QKRGCKGLVK	60
VGAPGILQGM VLSFGGLQFT ENHLQFQADP DVLHNSYALH GIRYKNDHIN LAVLADAEKG	120
PYLHVSVESR GQPVKIYACK AGCLDEPVEL TSAPTGHTFS VMVTQPITPL LYISTDLTHL	180
QDLRHTLHLK AILAHDEHMA QQDPGLPFLF WFSVASLITL FHLFLFKLIY NEYCGPGAKP	240
LFRSKEDPSV *	251

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 169

40 PVEADPPEAW LQGAGEGGCP RHPAGDGAQL WGAAVHREPP PVPGRPRRAA QQLCIAWHPL	60
QERPYQPGRA GGCRGQALPT RVRGVPWPAC QDLCLQGRLP GRASGADLGA HGPHLLGHGD	120
TAHHATALHL HRPHTPAGPA AHAAPQGHPG P*	152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

45 (A) LÄNGE: 315 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 170

VIFYLYNKVY	LHGSDFDPS	QQRHCTSASS	RFGSSLPVPY	VTEASRLTVL	LPLAAAERDL	60
APGFLEAFAT	AALEPGDAAA	ALTLLLLYEP	RQAQRVAHAD	VFAPVKAHVA	ELERRFPGAR	120
VPWLSVQTA	PSPLRIMDLL	SKKHPLDTLF	LLAGPDTVLT	PDFLNRCRMH	AISGWQAFFP	180
MHFQAFHPAV	APPQGPGPPE	LGRDTGRFDR	QAASEACFYN	SDYVAARGRL	AAASEQEEEL	240
15 LESLDVYELF	LHFSSLHVLR	AVEPALLQRY	RAQTCSARLS	EDLYHRCLQS	VLEGGLGSRTQ	300
LAMLLFEQE	GNST*					315

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

- 20 (A) LÄNGE: 268 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear.

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 171

TAAACMPSPA	GRPSFPCISK	PSTQLWPHHK	GLGPQSWAVT	LAALIARQPA	RPASTTPPTW	60
QPVGAWRQPQ	NKKRSCWRRAW	MCTSCSSTSP	VCMCCGRWSR	RCCSATGPRR	AARGSVRTCT	120
TAASRACLRA	SAPEPSWPCY	SLNRSRATAP	DPTLSPWAVA	WPHPTPLLPO	NQSHLPASLG	180
RAGRSQTPSW	PTGPLSGSVG	PWALDKHWGT	CPQSHPLLIP	NPVSLPPDAA	DSGCGLHVFM	240
40 QYSLPDASPA	SGPWGLGCRR	VVGEIGGS*				268

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

-
- (A) LÄNGE: 259 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172

YDPIGFGLSW	EAGRIIGWGK	PTRGRGRGGS	LSTRGRGSEV	PDSAHLAPTP	LFSESGCCGL	60
RSRFLTDCKM	EEGGNLGGLI	KMVHLLVLSG	AWGMQMWVTF	VSGFILLFRSL	PRHTFGLVQS	120
KLFPPFYFHIS	MGCAFINLCI	LASQHAWAQL	TFWEASQLYL	LFLSLTLATV	NARWLEPRTT	180
AAMWALQTVE	KERGLGEVP	GSHQGPDPYR	QLREKDPKYS	ALRQNFFRYH	GLSSLCNLGC	240
VLSNGLCLAG	LALEIRSL*					259

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

- 20 (A) LÄNGE: 207 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 173

DGPSTGLVRC	LGHANVGDLR	LRLPAFPKPS	PTYLRTSAEQ	TLPLLLPHLH	GLCLHQPLHL	60
GFTACILGSAH	ILGGQPALPA	VPEPYAGHCQ	RPLAGTPHHS	CHVGPANRGE	GARPGWGGR	120
35 QPPGSRSLPP	AAREGPQVQC	SPPEFLPLPW	AVLSLQSGLR	PEQWALSRRWP	CPGNKEPLAW	180
ALHANKCFFR	KKKKKKRGER					207

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- 50 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 174

5 ISFLEQGNLV IVLSLPRIHP YLENWGLKAI RIHQFKNTYV HLISNTNYPE ETKIDQIYSS 60
K* 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

- 10 (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 175

25 CLPQYWKCHE FSIRRTLLLH HFKVIPVIVA KESTQWEMEE KCRESKQLVF SFITEVL* 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

- 30 (A) LÄNGE: 252 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 176

AWGPAPAGTA LRAGLGVGRA EPHGALRAAP AWASLADFDW VWDDLNKSSA TLLSCDNRKV 60
 SFHMEYSCGT AAIRGKELG EGQHFWEIKM TSPVYGTDMV VGIGTSDVDL DKYRHTFCSL 120
 LGRDEDWGL SYTGLHHKG DKTSFSSRFG QGSIIGVHLD TWHGTLFFK NRKCIGVAAT 180
 50 KLQNKRFPYPM VCSTAARSSM KVTRSCASAT SLQYLCCHRL RQCGQTRETR WRVCRCRRAS 240
 SRCYTTSWAG S* 252

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- (A) LÄNGE: 191 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 177

20	GPAAAADPPA CLPSLAALAQ AVAAQVLEGS GAGTGAGDLH AAPGRRGAHH RVESLVLQLG	60
	GCHTYTLPLV EKGECAVPGV QVHANDGALA EPRREAGLVA LVVEEARVGE APAVLI PAQQ	120
	AAERVAVFVQ VHIRRPAHH HVGAVDGRGH LDLPEVLALP QLLGAPDGRC AAAVLHVEAD	180
	LTVVTAQOQGG *	191

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 178

45	LRKIPHFRSP	RHRSHLPPAPR	WVLAPAPVWQ	GPGSVCARS	RRRHGVSTSL	IRETPTKAM	60
	EVEAAEARSP	APGYKRSGRR	YKCLSCTKTF	PNAAPRGARHA	ATHGPADCSE	EVAEVKPKPE	120
	TEAKAEEASG	EKVSASGAKP	RPYRCPLCPK	AYKTAPDVRS	HRRSHTGEKP	FPCPECGR	178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein

- (C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 179

15 REVSKCWTE GGRWDEPHSP LLKNDHLQDS VPIGGQALPA LGHTWLRHPW SQCLGWRRPV 60
LAARCGALES SPISFLATPV QRPLQPHSAP TYLGTPAGAR EYQGGRRAQRD QGKPLAWRVW 120
GTLPOQGRTRQ EEAQELGPAA QELGPATQAG LGTWQGLGIL TLDLGDLGGT GRGEMGGPAP 180
AQCRPHPCTE APPCHAPRRL PELTGG 206

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 180

ELDGMEDEGGQ REERKRNAKC GQPPRVKIEG SVMQVLDRRR QVGRAPQPPP QKRPPPLSD 60
PWGAGGSASPR PHVAPAPMVP VPWMETASSG GQMWCSGIQS HFLPGHACPA ASSAAFSPYL 120
40 PGDPGWGTRV PGG* 134

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- 45 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren.
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 181

10 RMKCSQPPRC HFQSDFQKCA PCPRAQTHWL EPPGRVQTIS SMRNAQKGFA DSIRLWRLPA 60
SGVGWVVSPP IQTQEVAPEG MYLVGSSSGT LGGCRALTQV FLSLSSLGCV CACACACLCF 120
SIWAHQDAPR RACARVPT* 139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- 15 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 182

VHGREALGT LAGTAALKPA LLSGYQTFKG QDVLRVPVA ARRPAGACPR VTAWRCWGSG 60
HLPCLECQEG EAFFEEASVLA ARSLSQPLPG SCTGQGLIIPC HAGPLEQVGW GWYVLSQPW 120
QPCPLGKVIS DL 132

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 328 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

5	GQDSPORTGKSN ILVFKLGGTS LSLSVMEVNS GIYRVLSTNT DDNIGGAHFT ETLAQYLASE	60
	FQRSFHKDVR GNARAMMKLT NSAEVAKHSL STLGSANCFL DSLYEGQDFD CNVSRARFEL	120
	LCSPLFNKCI EAIRGLLDQN GFTADDINKV VLCGGSSRIP KLQQLIKDLF PAVELLNSIP	180
	PDEVIPIGAA IEAGILIGKE NLLVEDSILMI ECSARDILVK GVDESGASRF TVLFPSGTPL	240
	PARRQHTLQA PGSISSVCLE LYESDGKNSA KEETKFAQVV LQDLDKKENG LRDILAVLTM	300
	KRDGSLHVTC TDQETGKCEA ISIEIAS*	328

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 417 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 15 (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184

30	MSSNCTSTTA VAVAPLSASK TKTKKKHFC QKVKLFRASE PILSVLMWGV NHTINELSNV	60
	PVPVMLMPDD FKAYS KIKVD NHLFNKENLP SRFKFKEYCP MVFRNLRERF GIDDQDYQNS	120
	VTR SAPINSQ SQGRCGTRFL TYD RRFVIK TVSEDVAEM HNILK KYHQF IVECHGNTLL	180
	PQFLGMYRLT VDG VET YMVV TRNVFSHRLT VHRKYDLKGS TVAREASDKE KAKDLPTFKD	240
	NDFLNEGQKL HVGEESKKNF LEKLKRDVEF LAQLKIMDYS LLVGIHDVDR AEQEEMEVEE	300
	RAEDEECEND GVGGNL LCSY GTPPDSPGNL LSFP RFFGPG EFDP SVDVYA MKSHESSPKK	360
35	EVYFMAIIDILTPYDTKKKA AHAAKTVKHG AGAEISTVNP EQYSKRFNEF MSNILT*	417

(2) INFORMATION ÜBER SEQ-ID NO: 185:

- (A) LÄNGE: 209 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 40 (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

5	MCGNNMSTPL PAIVPAARKA TAAVIFLHGL GDTGPVRPV LNMNVAMPSW FDIIGLSPDS	60
	QEDESGIKQA AENIKALIDQ EVKNGIPSNR IILGGFSQGG ALSLYTALT QQKLAGVTAL	120
	SCWLPLRASF PQGPIGGANR DISILQCHGD CDPLVPLMFG SLTVEKLKTL VNPNANVTFKT	180
	YEGMMHSSCQ QEMMDVKQFI DKLLPPID*	209

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- 10 (A) LÄNGE: 257 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 186

30	LPKYPAPRLL PSLPADLRAD SPGGHGRGPH GAQQLLVGAR LLGTPSWGPG GHRLPVCQL	60
	AGGAAPRHL P ARGQHPAGQL AHCHVQLHIR QSTGQQRSL EGAGYRLIRE FHSRPALAPP	120
	FIVISHRLL LRQLCRRPRS PQPSSPALEH FRVYLSKEAE RKLLTWESVH KENFLLRAR	180
	DKRESSDSEL KRTSQKVDSL LKQLGHIREY EQRLKVLERE VQQCSRVLGW VAEALSRSAL	240
	LPPGGPPPPD LPGSKD*	257

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- 35 (A) LÄNGE: 289 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187

50	AEAGGSLASG GPGPGHASLS QRRLRYLADS WNQCDLVALT CFLLGVGCRL TPGLYHLGRT	60
----	---	----

VLCIDFMVFT VRLLHIFTVN KQLGPKIVIV SKMMKDVF <small>FF</small>	LFFLGVLVA YGVATEGLLR	120
PRDSDFPSIL RRVFYRPYLO IFGQIPQEDM DVALMEHSNC SSEPGFWAHP	PGAQAGTCVS	180
QYANWLVVLL LVIFLLVANI LLVNLIAFM SYTFGKVQGN SDLYWKAQVT	ASSGNSTLGP	240
RWPRPLSSSP TCASCSGNCA GDPGAPSRRP RPSSISGFTF LRKPSGSC*		289

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

10

- (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 188

IYGVSFLIFN IKNIYVSVIP CQGCLLVCLR FCFIFIFIHVVV IFSSQFLVS PFPGSFLLLL	60
LSVGDDKLVS LRALHLWIFL XSLTGQPAPV GSGPVRLPRL PR SLFHLQVCLP XPAPGLAPAA	120
ACPSEALLSP PGSHGWFPLS QLVSLNPKPL RNWGLVSGTC CYQ*	164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

30

- (A) LÄNGE: 151 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 189

45

PLSFLMYKTL LSGLEFEHLW XFIYFAXVCG QSNIFPKYIL PRKXXXQIRX FDXXKNRPXK	60
GAXTWSRAWX RGKAXRGQVC CGQICAYFIT GVKXXQSXID VXRIYTVXRN XRXXFXKNRN	120
TXWXXFYHXX YTFSLWXNXL TKLXFKIKLM *	151

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:

- ## (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190

LVKGMTVLEA VLEIQAITGS RLLSMVPGPQ RPPGSCWDPT QCTRTWLLSH TPRRRWISGL 60
PRASCRLEE PPPLPYCDQA YGEELSIRHR ETWAWSRTD TAWPGAPGVK QARILGELL 120
V* . 122

20

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: -118 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

30

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:

- ## (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 191

- RWHLIRLDQV TRQQQLSRAE AQGRGPRAVHL QDPGEPVAVL ARSAEIASSV SLQQEQNQLW 60
 PRWVGGSNFL AMAAATPROE TAECLEGCNT RSNROPLFL MSDGOALOHL DRHGGWS* 119

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

45

- (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

10 NTNQFLSITY QYEVKKLRQP FLQIKHMNP M TFLTAEMLPP PQQLGRPVLE GSGCILLGRMC 60
TWNTGCAQIT PGTVCAPV RKLASPTPWK PRRHTPVLDT CHPEPKRPLT SGAPSTTSAG 120
PCCGQVARTL VPRVPSTVPG TWWILRSACC TEAVCSGKGC SEHRSLCI* 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- 15 (A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

IQSDILCSEQP FPEHTASVQH ADLSIHVPG TVLGTRGTV RATCPQQGPA EVVEGAPEVR 60
GRFGSGWQVS STGVWRGFH GVGEASFLLT GWAHTVPGVI CAQPVFQVHI LP RRHPDPSS 120
TGRPSCCGGG SISAVRKVIG FMCFICKNGC LNFLT SYW* 159

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

- 40 (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

5 AWGRSPGLAT RFKDVS DPSR YPLL RGRGRR GSAP GAGPVV GGRAG VVRVV QA ALGGSE HA 60
LRLH HEHV VE VPHQ HRQQW Q K RQAV AEASE GAA HGKG QPV DQ PGDG KETS EQ REQ FEGIL 120
GQVSGKHGQV EEVEN KELDR LGHIS PVDLH LPPWL PKGPK GRKA* 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- 10 (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

25 PVMLFCPSAL WGATAGGGDP PAICGPVGPA LYSLLLQPGR AFHL PAPGYP QTAPS AHWSL 60
CRLPADILLAD LCRGPLLPRL RLRPDVSATA VDADVEPLLH VRGGAGAH AH CHREPP GLPG 120
PRPLGLRLQA PPLGLSLSAL ALGVGGSGLG LTHL* 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- 30 (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 196

45 XXLXSXVXXS WXXSTXATXK XPRWXDKXXS XQARPXXVXT XXQAFSLFQK GSEDGRPASQ 60
ERPDQXGRGL PQPQVSTRGS IRLSGXPLGS WWDRGRWRK AEEMGSGWRV CASFEATSAG 120
50 HRLLNTKLVP TDELAMEEIX GRPLXPTGRA AHNSTSFPDR AGF* 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- 5 (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

- 15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 197

ATCGLHLWPR RKHKPSIHFP FPLPFSTSPF HPTSCXVAXQ KALLSPLLTL GAAAGLSXTG 60
20 LAFPERQVFR PQSLSGTRRM PVXRWXHXXA WPVRXSTCLX SGXAXTLPEW XEXMTXPLXX 120
PRXXREVSGY AGFPSSSWXA EFLGXXQIFX TL* 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

- 25 (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

- 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 198

SCGPRGIASI GLGFSGRCDD QNKGRSRRAR GSGGGVFRGA HLPGAAGQPE PHRAALASRR 60
40 LTRKLYKCIK KAVKQKQIRR GVKEVQKFVN KGEKGIMVLA GDTLPIEVYC HLPVMCEDRN 120
LPYVYIPIST DLGAAAGPSA PPV* 144

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

- 50 (A) LÄNGE: 229 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 199

MASEELQKDL EEVKVLLLEKA TRKRVRDALT AEKS KIETEI KNKM QQKS QK KAE LL DNE KP 60
AAVVA PIT TG YTVK IS NY GW DQS DKF VKI Y IT LTGVH QVP TENVQVHF TE RSFD L VKNL 120
15 NGK SYSM IVN NLLKP I SVEG SS KKVKT DTV LILCRKK VEN TRWDYLTQ VE KECK EKE KPS 180
YDTETDPSEG LMNV LKKI YE DGDD DMKRTI NKA WES REK QAKGDTE F* 229

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - 5 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164
 - 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
oder
 - 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
 - 20 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 3, 4, 6, 7, 10, 12, 13, 15, 17-24, 26, 27, 29, 31-34, 36, 37, 39, 40, 44-53; 142, 144-164, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Prostatatumorgewebe erhöht exprimiert sind.
 - 25 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
 - 30 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
 - 35 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
 - 40 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 2000 bp aufweist.
- 5 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 1700 bp aufweist.
- 10 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 15 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 20 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 25 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 35 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 40 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 45 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
- 5 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
- 10 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 15 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 20 22. Ein Protein gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß es aus einem Phage-Display stammt.
- 25 23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199.
- 30 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 35 25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 40 26. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs.
- 45 27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.

28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 in sense oder antisense Form.

5

29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses.

10

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.

15

31. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87; 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199.

20

32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

25

33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

30

34. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164.

35

35. Verwendung der genetischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

36. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

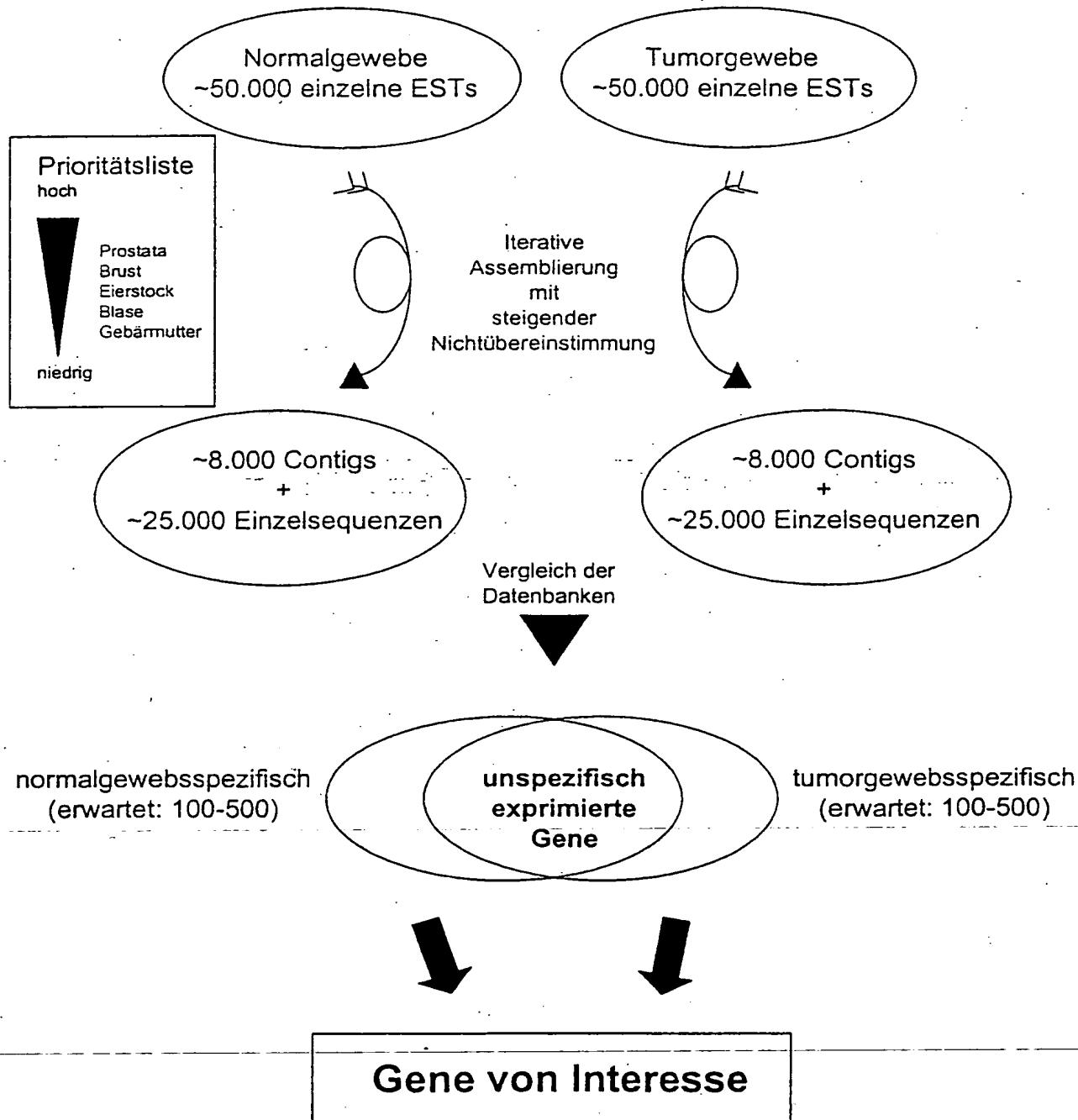
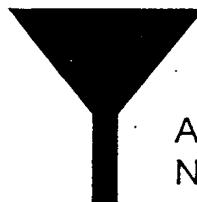


Fig. 1

2/10

Prinzip der EST-Assemblierung

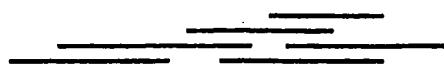
~50.000 ESTs pro Gewebe



Assemblierung bei 0%
Nichtübereinstimmung
mit GAP4 (Staden)



Contigs



Einzelsequenzen

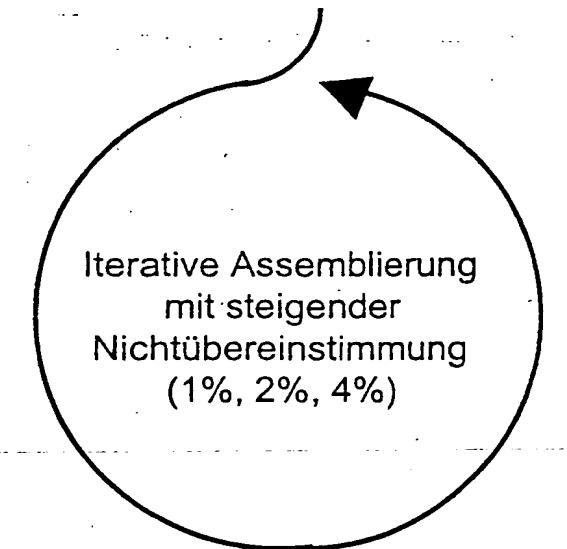


In Anzahl und Länge
zunehmenden Contigs



5000-6000 Contigs

Iterative Assemblierung
mit steigender
Nichtübereinstimmung
(1%, 2%, 4%)



~25.000 übrige
Einzelsequenzen

~30.000 Konsensus-
sequenzen pro Gewebe

Fig. 2a

3/10

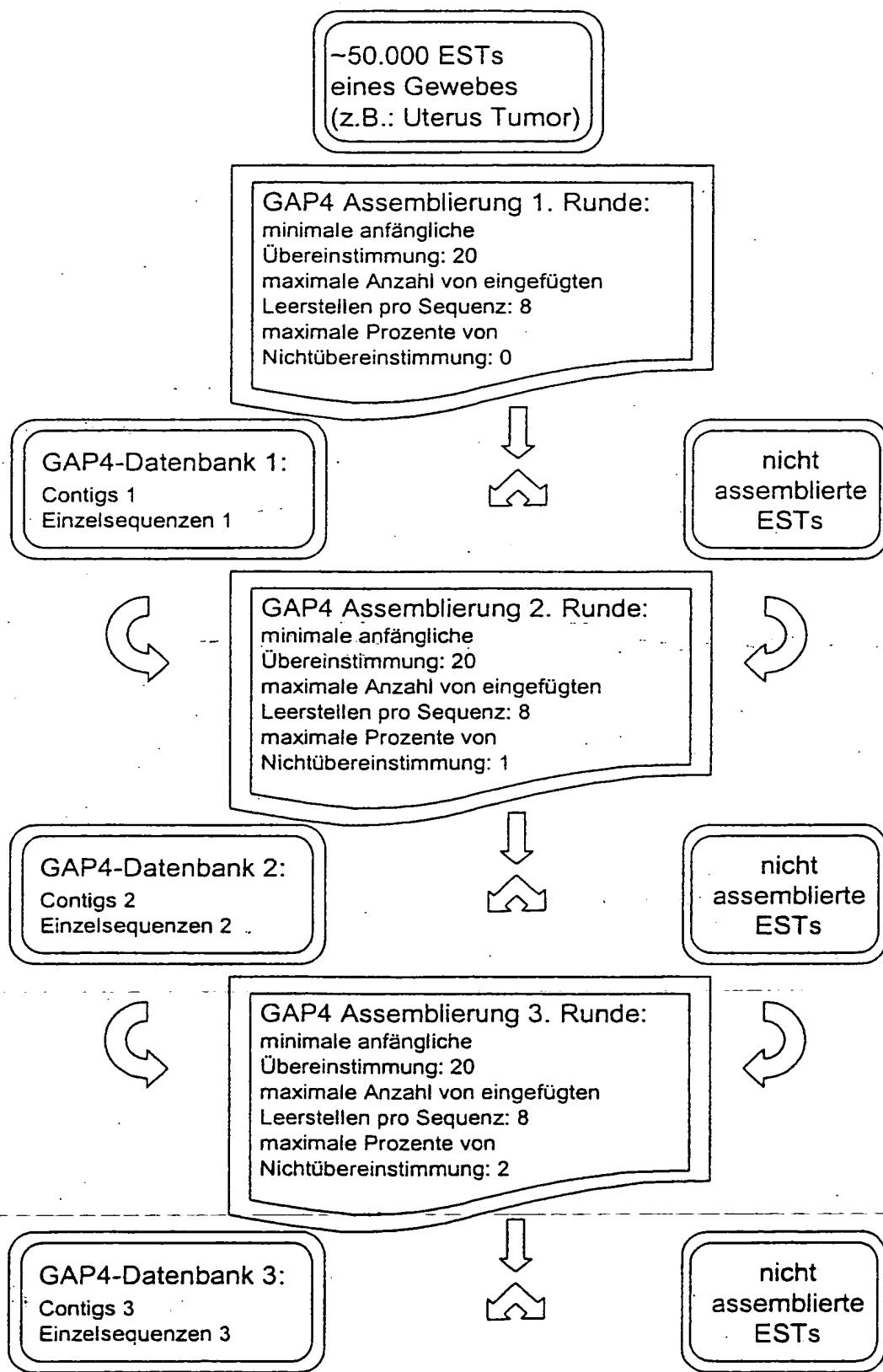


Fig. 2b1

4/10

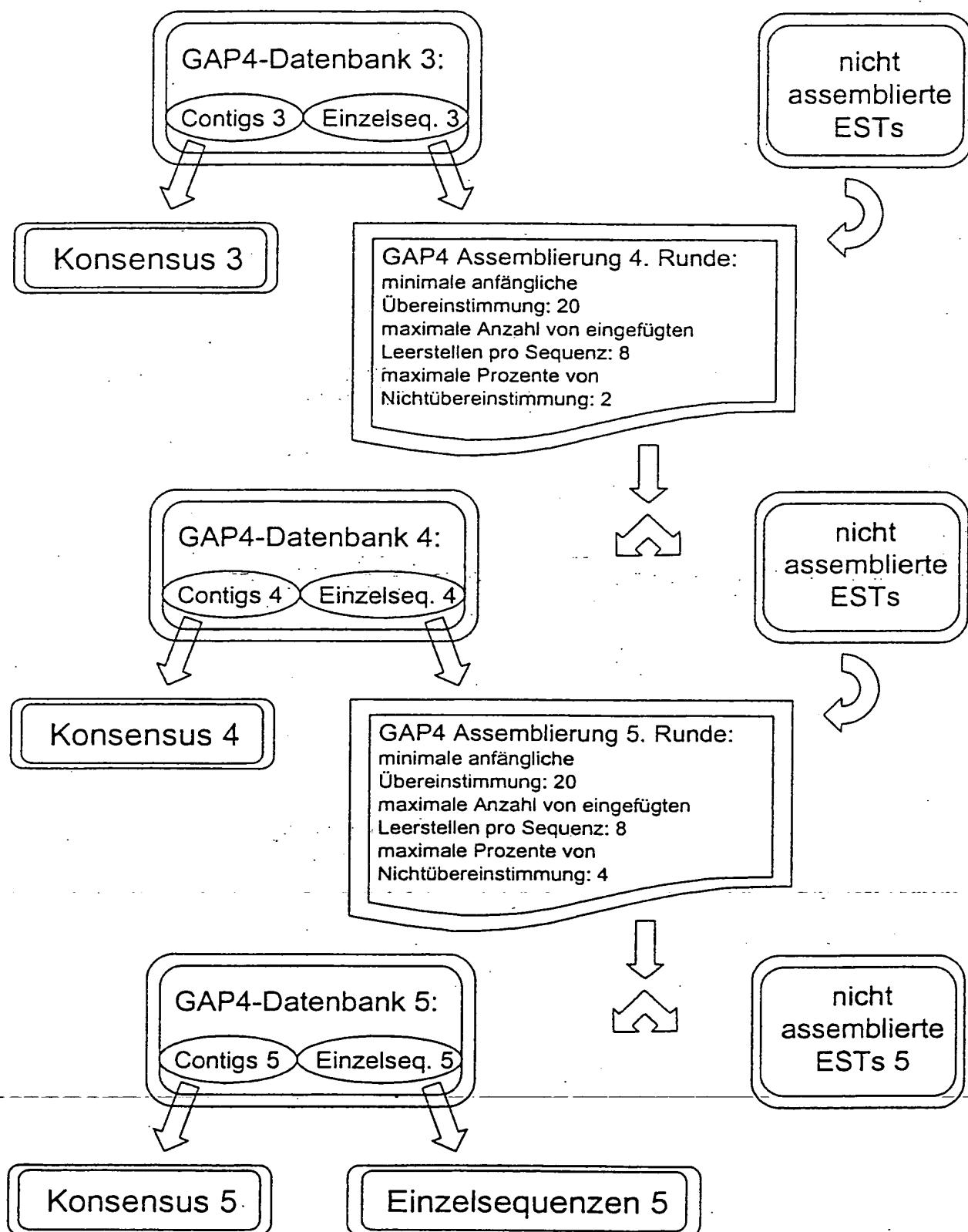


Fig. 2b2

5/10

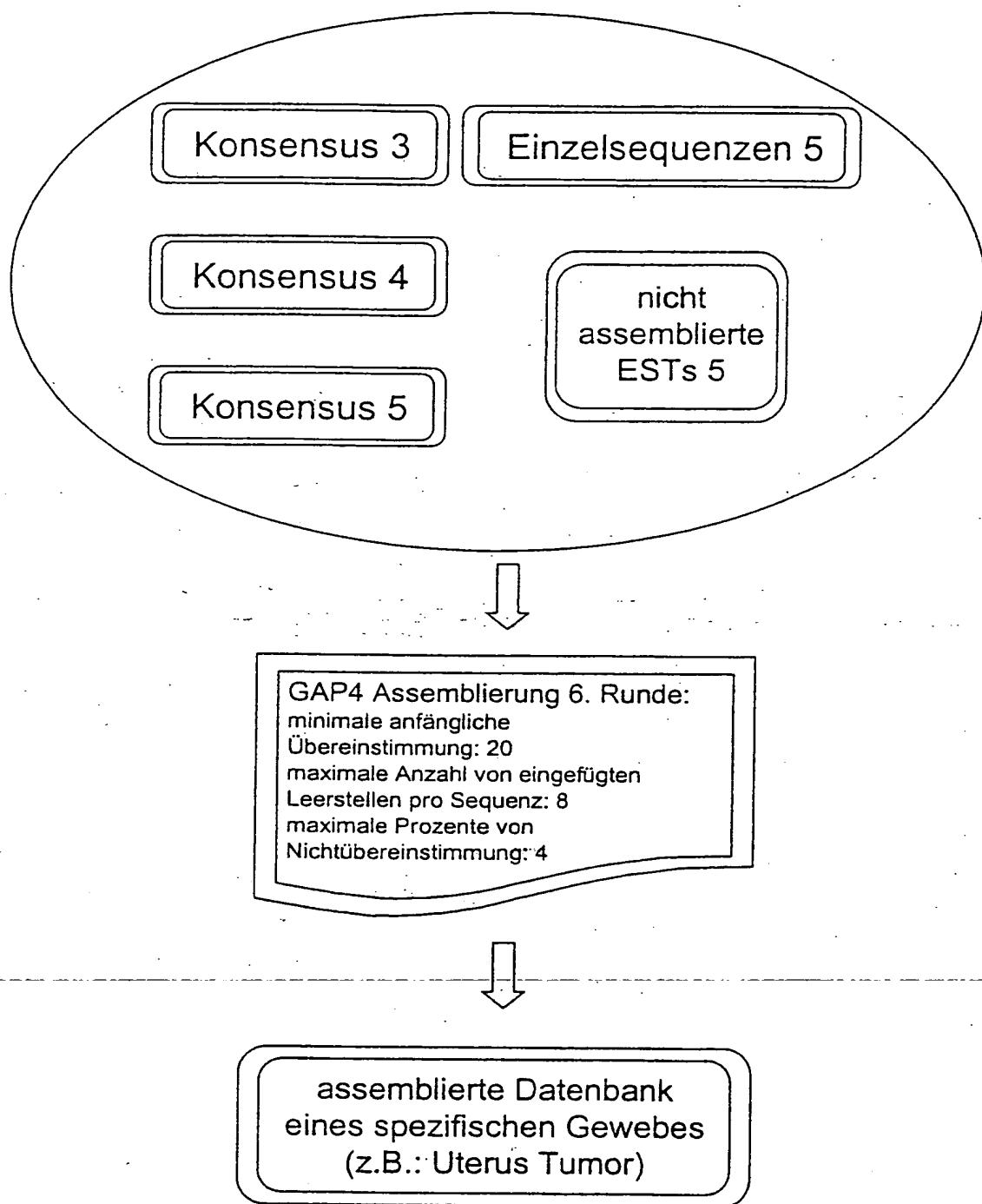


Fig. 2b3

6/10

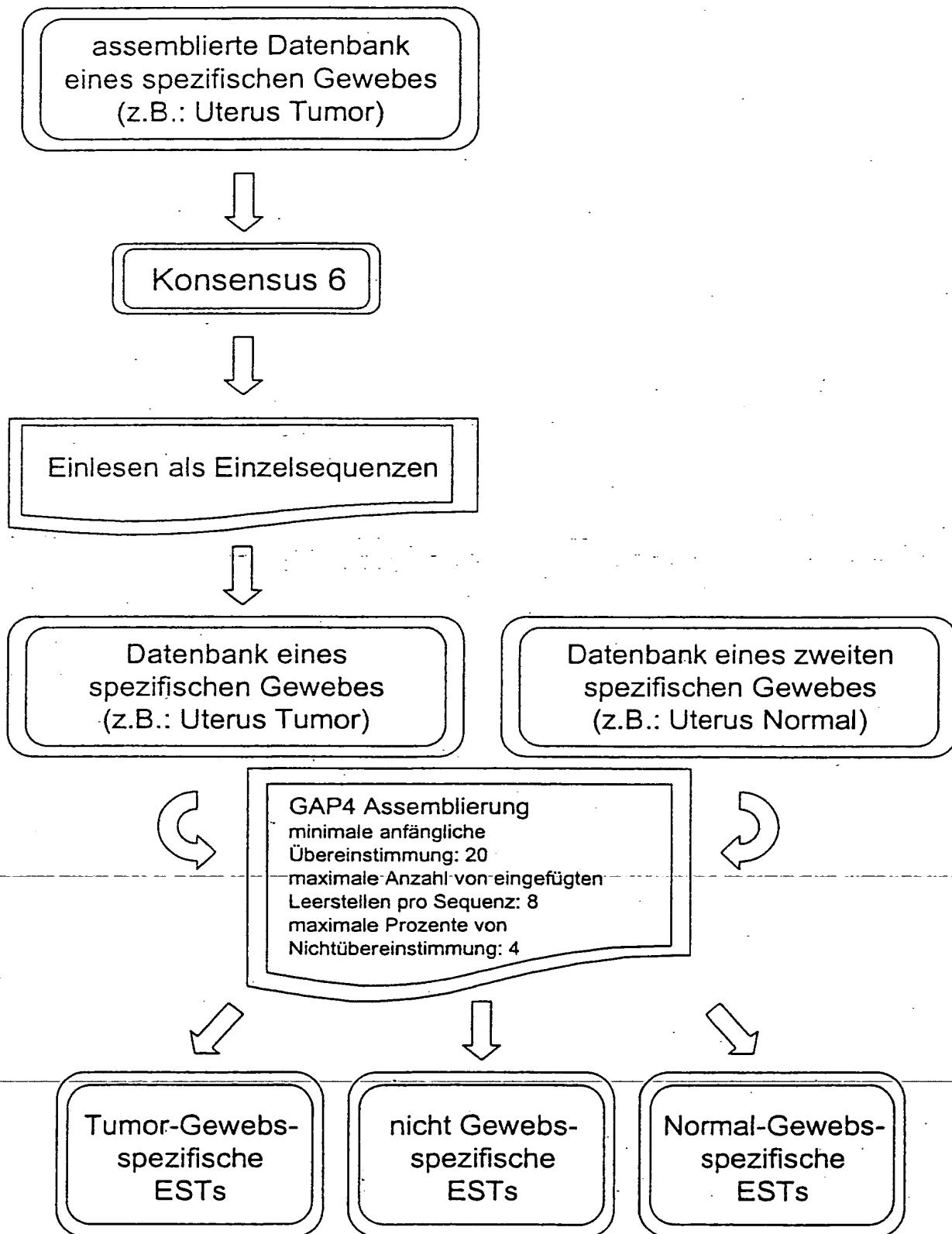


Fig. 2b4

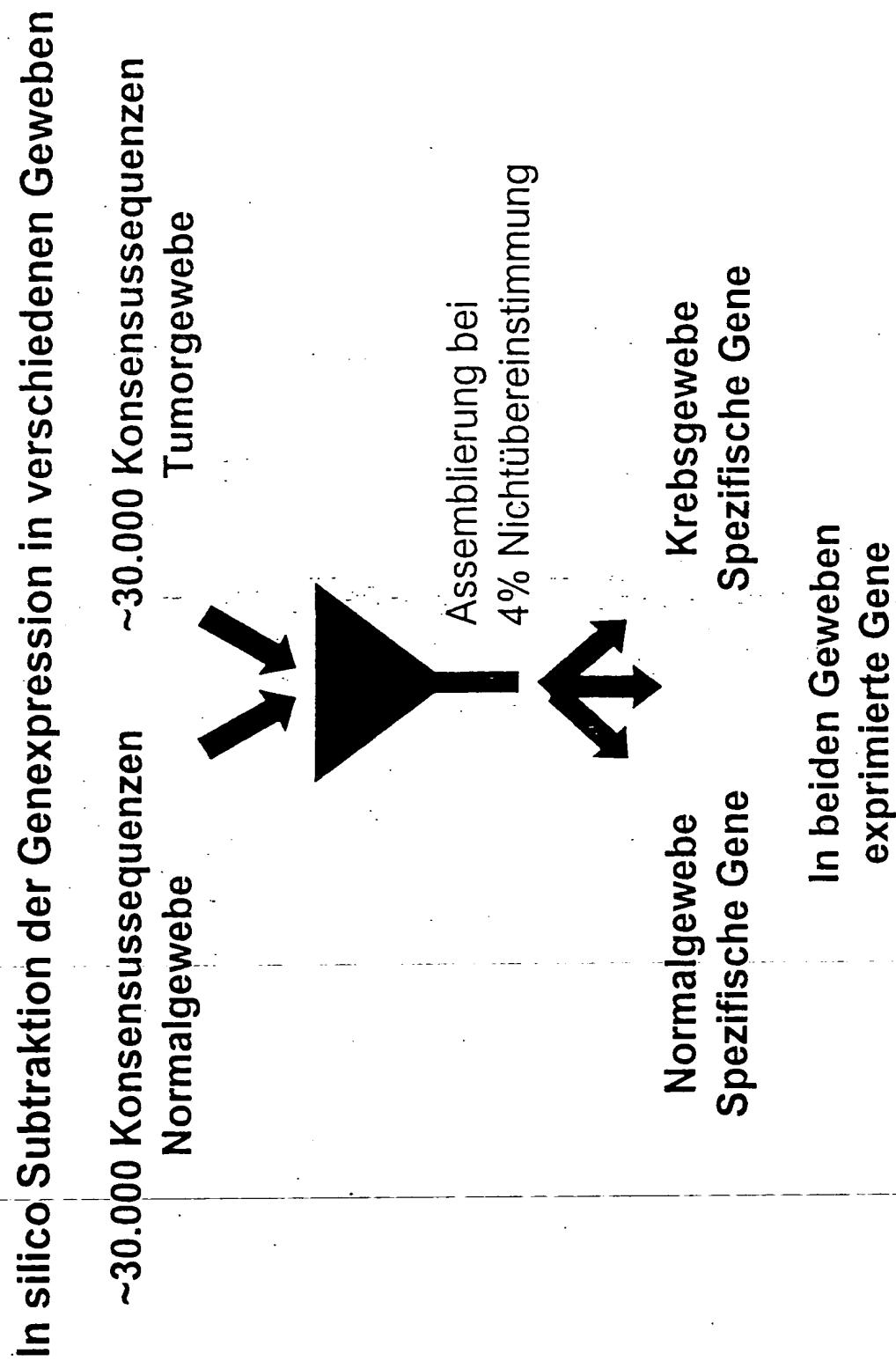
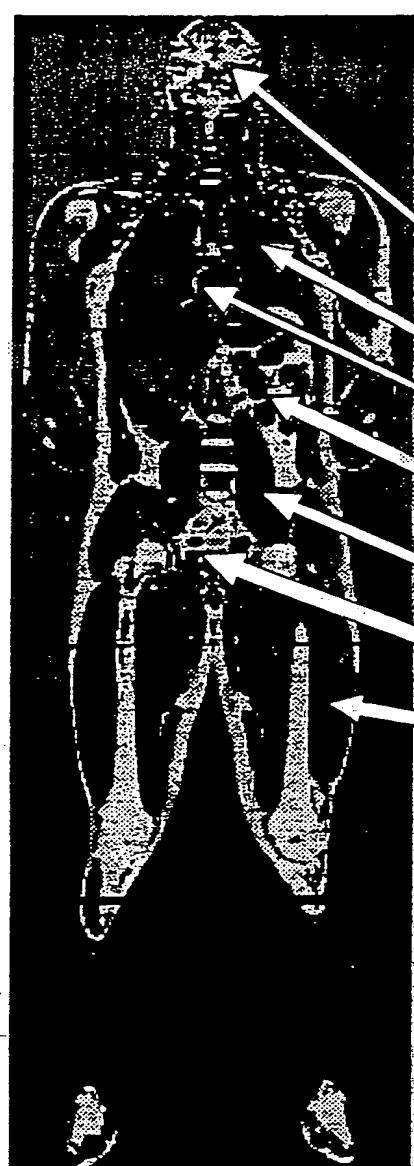


Fig. 3

8/10



Gene von Interesse

Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern (INCYTE LifeSeq und öffentliche EST Datenbanken)

Kandidatengene für Tumorsuppressoren oder Tumoraktivatoren

Fig. 4a

9/10

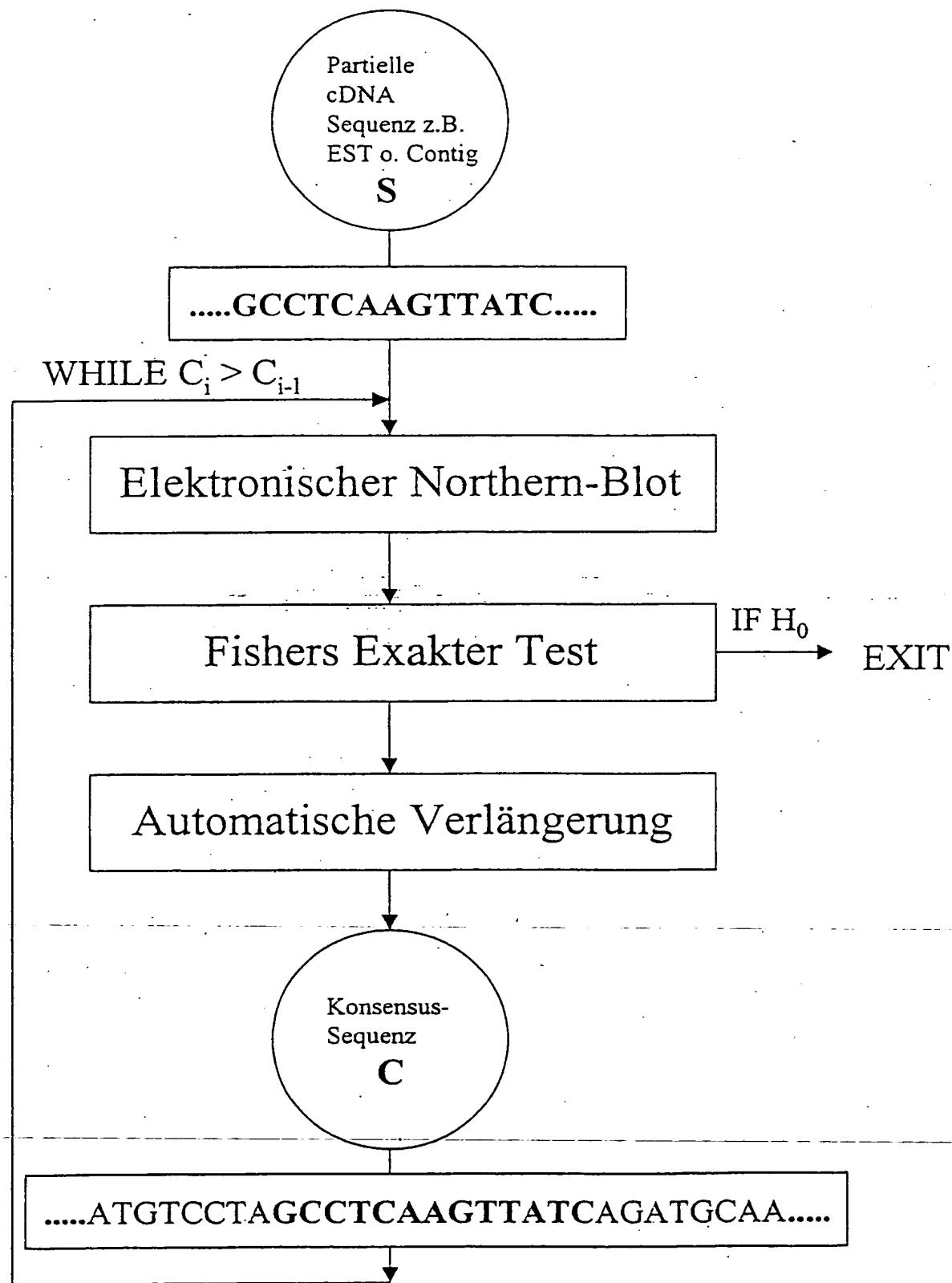


Fig. 4b

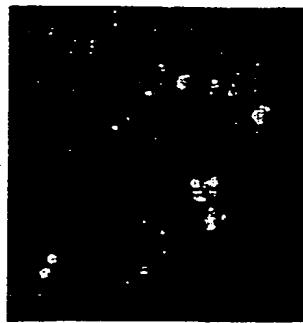
10/10

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

Chromosomal Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomal Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM

Internationales Büro

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICH NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ :	A3	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/46374
C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17, 48/00		(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 16. September 1999 (16.09.99)

(21) Internationales Aktenzeichen:	PCT/DE99/00721	(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).
(22) Internationales Anmeldedatum:	9. März 1999 (09.03.99)	
(30) Prioritätsdaten:		Veröffentlicht <i>Mit internationalem Recherchenbericht.</i>
198 11 193.2	10. März 1998 (10.03.98)	
DE		(88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenberichts: 6. Juli 2000 (06.07.00)
(71) Anmelder (<i>für alle Bestimmungsstaaten ausser US</i>): METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).		
(72) Erfinder; und		
(75) Erfinder/Anmelder (<i>nur für US</i>): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönheld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).		

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM PROSTATE TUMOUR TISSUE

(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PROSTATATUMORGEWEBE

(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genomic sequences – from prostate tumour tissue which code for gene products or parts thereof, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtainable by way of said sequences and to their use.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Gewebe von Prostata-tumoren, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AÜ	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern. Appl. No
PCT/DE 99/00721

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6 C12N15/12	C07K14/47	C07K16/18	C12N1/21	C12N5/10
C12N15/10	C12N15/62	C12N15/70	C12N15/79	C12Q1/68
G01N33/68	A61K38/17	A61K48/00		

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C12N C07K C12Q

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	<p>YANG, Z. & WENSEL, T.: "Molecular cloning and functional expression of cDNA encoding a mammalian inorganic pyrophosphatase" JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY., vol. 267, 5 December 1992 (1992-12-05), pages 24641-24647, XP002127621 ISSN: 0021-9258 figure 4</p> <p>---</p>	<p>1,7, 10-12, 15-19, 23-25</p>
A	<p>WO 97 36535 A (UNIV TEXAS) 9 October 1997 (1997-10-09) page 4 -page 16 page 22, line 7 - line 25 page 30, line 23 -page 36 page 55, line 7 -page 58 page 65 -page 71 claims</p> <p>---</p> <p>-/-</p>	1-33

Further documents are listed in the continuation of box C.

Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents :

- *A* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- *E* earlier document but published on or after the international filing date
- *L* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- *O* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- *P* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

- *T* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
- *X* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
- *Y* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art
- *Z* document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

17 January 2000

Date of mailing of the international search report

17.04.00

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.O. 5818 Patentlaan 2
NL - 2230 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

ANDRES S.M.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern. .nal Application No
PCT/DE 99/00721

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	WO 98 04689 A (UROCOR INC) 5 February 1998 (1998-02-05) page 4, line 8 -page 9, line 7 page 20 -page 41 page 61, line 16 -page 66, line 3 page 85, line 20 -page 117 claims ---	1-33
X	ADAMS, M. ET AL.: "EST186922 HCC cell line (metastasis to liver in mouse) II Homo sapiens cDNA 5' end" EMBL DATABASE ENTRY HSZZ20258; ACCESSION NUMBER AA314881, 18 April 1997 (1997-04-18), XP002127622 the whole document & NATURE., vol. 377, 1995, pages 3-174, ISSN: 0028-0836 ---	1,5-9
X	HILLIER, L. ET AL.: "WashU-NCI human EST project : zi42c12.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS S1 Homo sapiens cDNA clone 433462 3'" EMBL DATABASE ENTRY AA694204, 19 December 1997 (1997-12-19), XP002127623 the whole document ---	1,5-9
X	"zs84c07.r1 NCI CGAP GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:704172 5'" EMBL DATABASE ENTRY HS1183744; ACCESSION NUMBER AA279355 (VERSION 3), 19 June 1997 (1997-06-19), XP002127624 the whole document ---	1,5-9
X	ADAMS, M. ET AL.: "EST188096 HCC cell line (metastasis to liver in mouse) II Homo sapiens cDNA 5' end" EMBL DATABASE ENTRY HSZZ21531; ACCESSION NUMBER AA316013, 18 April 1997 (1997-04-18), XP002127625 the whole document & NATURE., vol. 377, 1995, pages 3-174, ISSN: 0028-0836 ---	1,5-9
X	HILLIER, L. ET AL.: "WashU-NCI human EST project : zm87c06.r1 Stratagene ovarian cancer (#937219)-Homo-sapiens-cDNA-clone 544906 5'" EMBL DATABASE ENTRY HSAA75438; ACCESSION NUMBER AA75438 (VERSION 2), 30 December 1997 (1997-12-30), XP002127626 the whole document ---	1,5-9
	-/-	

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Inten. Jurnal Application No

PCT/DE 99/00721

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence assembly program" NUCLEIC ACIDS RESEARCH., vol. 23, 1995, page 4992-9 XP002127627 ISSN: 0305-1048 cited in the application ---	
A	SCHULER, G. D.: "Sequence mapping by electronic PCR" GENOME RESEARCH., vol. 7, 1997, pages 541-550, XP002127628 ISSN: 1088-9051 cited in the application ---	
P,X	US 5 843 665 A (HAWKINS PHILLIP R ET AL) 1 December 1998 (1998-12-01) the whole document ---	1-33
P,X	WO 98 42738 A (FLORENCE KIMBERLY A ; HUMAN GENOME SCIENCES INC (US); GREENE JOHN M) 1 October 1998 (1998-10-01) page 62 page 92 -page 111 page 312 -page 313 claims ----	1-13, 15-25, 28,31-33
E	WO 99 53040 A (SCHMITT ARMIN ; SPECHT THOMAS (DE); DAHL EDGAR (DE); HINZMANN BERND) 21 October 1999 (1999-10-21) page 1 -page 8 page 316, line 29 - line 53 claims; figures -----	1-33

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE 99/00721

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. Claims Nos.: because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. Claims Nos.: **34-36** because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:

See supplemental sheet ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

3. Claims Nos.: because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

1. As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

4. No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

Claims 1-36 (all in part).

Remark on Protest

- The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
 No protest accompanied the payment of additional search fees.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT**ADDITIONAL MATTER**

PCT/ISA/210

International application No.

PCT/DE99/00721

The International Search Authority has found that this international application contains several (groups of) inventions as follows:

1. Claims: 1-36 (all in part)

Nucleic acid sequence relating to SEQ ID 3, an allelic or complementary variant thereof. BAC, PAC and cosmid clone, expression cassette and host cell containing said sequence. Uses of said nucleic acid sequence and method for the production of a polypeptide. Antibodies directed against a polypeptide or fragment coded for by SEQ ID 3. Polypeptide sequences relating to SEQ ID 57 (table 2) and the uses thereof. Medicaments containing at least one polypeptide partial sequence SEQ ID 57.

2. to 53. Claims: 1-36 (all in part)

The same as in the case of invention 1 but relating to the nucleic acid sequences SEQ ID 4, 6, 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31, 33-34, 36, 39, 44-53, 142 and 144-164 and the corresponding polypeptide (partial) sequences SEQ ID 58-60, 64, 66-67, 70-71, 73-83, 86, 87, 89-90, 92, 94, 101-141, 143 and 165-199 and described in table 2.

54 to 58. Claims: 3, 5-19, 23-26, 29-33 (all in part)

Nucleic acid sequence relating respectively to SEQ ID 7, 13, 26, 37 or 40, expression cassette and host cell containing said sequence. Uses of said nucleic acid sequence and method for the production of a polypeptide. Corresponding polypeptide sequence(s) and described in table and the uses thereof. Medicament containing at least one of said sequences.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

See Supplemental Sheet ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

International application No.

PCT/DE99/00721

2. Claims Nr.: 34-36

4. Claims 1-36 (all in part)

ADDITIONAL MATTER**PCT/ISA/210**

Continuation of Box I.2

Claims Nr.: 34-36

Patent claims 34-36 relate to an excessively large number of possible products, which is not supported by the description as defined by PCT Art. 6 and/or cannot be considered as disclosed in the patent application as defined by PCT Art. 5. In the present case, the patent claims lack the necessary support and the patent application lacks the necessary disclosure to such an extent that a meaningful search covering the entire range of protection sought for appears to be impossible. For this reason, no search on said products and the uses thereof was carried out.

The applicant's attention is drawn to the fact that patent claims, or parts of patent claims, relating to inventions in respect of which no international search report has been established need not be the subject of an international preliminary examination (PCT Rule 66.1(e)). The applicant is advised that the EPO policy when acting as an International Preliminary Examining Authority is normally not to carry out a preliminary examination on matter which has not been searched. This is the case irrespective whether or not the patent claims are amended following receipt of the International Search Report (PCT Art. 19) or whether or not the applicant files new patent claims during any PCT Chapter II procedure.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/DE 99/00721

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)		Publication date
WO 9736535	A 09-10-1997	US 5861248 A		19-01-1999
		AU 713610 B		09-12-1999
		AU 2601797 A		22-10-1997
		EP 0904405 A		31-03-1999
-----	-----	-----	-----	-----
WO 9804689	A 05-02-1998	AU 6642996 A		20-02-1998
		EP 0951541 A		27-10-1999
		US 5882864 A		16-03-1999
-----	-----	-----	-----	-----
US 5843665	A 01-12-1998	US 5981232 A		09-11-1999
-----	-----	-----	-----	-----
WO 9842738	A 01-10-1998	AU 6564698 A		12-10-1998
		EP 0970110 A		12-01-2000
		AU 6562798 A		20-10-1998
		AU 8768498 A		01-03-1999
		WO 9907891 A		18-02-1999
		AU 9679898 A		27-04-1999
		WO 9918208 A		15-04-1999
-----	-----	-----	-----	-----
WO 9953040	A 21-10-1999	DE 19817557 A		21-10-1999
-----	-----	-----	-----	-----

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen
PCT/DE 99/00721

A. KLASIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES

IPK 6	C12N15/12	C07K14/47	C07K16/18	C12N1/21	C12N5/10
	C12N15/10	C12N15/62	C12N15/70	C12N15/79	C12Q1/68
	G01N33/68	A61K38/17	A61K48/00		

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierte Mindestpräzisierung (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPK 6 C12N C07K C12Q

Recherchierte aber nicht zum Mindestpräzisierung gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	YANG, Z. & WENSEL, T.: "Molecular cloning and functional expression of cDNA encoding a mammalian inorganic pyrophosphatase" JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY., Bd. 267, 5: Dezember 1992 (1992-12-05), Seiten 24641-24647, XP002127621 ISSN: 0021-9258 Abbildung 4 ---	1,7, 10-12, 15-19, 23-25
A	WO 97 36535 A (UNIV TEXAS) 9. Oktober 1997 (1997-10-09) Seite 4 -Seite 16 Seite 22, Zeile 7 - Zeile 25 Seite 30, Zeile 23 -Seite 36 Seite 55, Zeile 7 -Seite 58 Seite 65 -Seite 71 Ansprüche ---	1-33 -/-

Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen

Siehe Anhang Patentfamilie

* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

"A" Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

"E" älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

"L" Veröffentlichung, die eignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

"O" Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benützung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

"P" Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

"T" Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

"X" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

"Y" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

"Z" Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

Absendedatum des internationalen Recherchenberichts

17. Januar 2000

17.04.00

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde
Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

ANDRES S.M.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Int'l. nationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/00721

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	WO 98 04689 A (UROCOR INC) 5. Februar 1998 (1998-02-05) Seite 4, Zeile 8 -Seite 9, Zeile 7 Seite 20 -Seite 41 Seite 61, Zeile 16 -Seite 66, Zeile 3 Seite 85, Zeile 20 -Seite 117 Ansprüche ---	1-33
X	ADAMS, M. ET AL.: "EST186922 HCC cell line (metastasis to liver in mouse) II Homo sapiens cDNA 5' end" EMBL DATABASE ENTRY HSZZ20258; ACCESSION NUMBER AA314881, 18. April 1997 (1997-04-18), XP002127622 das ganze Dokument & NATURE., Bd. 377, 1995, Seiten 3-174, ISSN: 0028-0836 ---	1,5-9
X	HILLIER, L. ET AL.: "WashU-NCI human EST project : z142c12.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS S1 Homo sapiens cDNA clone 433462 3'" EMBL DATABASE ENTRY AA694204, 19. Dezember 1997 (1997-12-19), XP002127623 das ganze Dokument ---	1,5-9
X	"zs84c07.r1 NCI CGAP GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:704172 5'" EMBL DATABASE ENTRY HS1183744; ACCESSION NUMBER AA279355 (VERSION 3), 19. Juni 1997 (1997-06-19), XP002127624 das ganze Dokument ---	1,5-9
X	ADAMS, M. ET AL.: "EST188096 HCC cell line (metastasis to liver in mouse) II Homo sapiens cDNA 5' end" EMBL DATABASE ENTRY HSZZ21531; ACCESSION NUMBER AA316013, 18. April 1997 (1997-04-18), XP002127625 das ganze Dokument & NATURE., Bd. 377, 1995, Seiten 3-174, ISSN: 0028-0836 ---	1,5-9
X	HILLIER, L. ET AL.: "WashU-NCI human EST project : zm87c06.r1 Stratagene ovarian cancer (#937219)-Homo-sapiens-cDNA-clone 544906 5'" EMBL DATABASE ENTRY HSAA75438; ACCESSION NUMBER AA75438 (VERSION 2), 30. Dezember 1997 (1997-12-30), XP002127626 das ganze Dokument ---	1,5-9

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/00721

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.*
A	BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence assembly program" NUCLEIC ACIDS RESEARCH., Bd. 23, 1995, Seite 4992-9 XP002127627 ISSN: 0305-1048 in der Anmeldung erwähnt ---	
A	SCHULER, G. D.: "Sequence mapping by electronic PCR" GENOME RESEARCH., Bd. 7, 1997, Seiten 541-550, XP002127628 ISSN: 1088-9051 in der Anmeldung erwähnt ---	
P,X	US 5 843 665 A (HAWKINS PHILLIP R ET AL) 1. Dezember 1998 (1998-12-01) das ganze Dokument ---	1-33
P,X	WO 98 42738 A (FLORENCE KIMBERLY A ; HUMAN GENOME SCIENCES INC (US); GREENE JOHN M) 1. Oktober 1998 (1998-10-01) Seite 62 Seite 92 -Seite 111 Seite 312 -Seite 313 Ansprüche ----	1-13, 15-25, 28,31-33
E	WO 99 53040 A (SCHMITT ARMIN ; SPECHT THOMAS (DE); DAHL EDGAR (DE); HINZMANN BERND) 21. Oktober 1999 (1999-10-21) Seite 1 -Seite 8 Seite 316, Zeile 29 - Zeile 53 Ansprüche; Abbildungen -----	1-33

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen
PCT/DE 99/00721

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. Ansprüche Nr. weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich

2. Ansprüche Nr. 34-36 weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
siehe Zusatzblatt WEITERE ANGABEN PCT/ISA/210

3. Ansprüche Nr. weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

1. Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.

2. Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchengebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.

3. Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.

4. Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:
Ansprüche 1-36 (alle teilweise)

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

- Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
 Die Zahlung zusätzlicher Recherchengebühren erfolgte ohne Widerspruch.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen PCT/ DE 99/00721

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere (Gruppen von) Erfindungen enthält, nämlich:

1. Ansprüche: 1-36 (alle teilweise)

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID 3, eine allelische oder komplementäre Variante davon. BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der SEQ ID 3 Sequenz kodiert wird. Polypeptidsequenzen sich beziehend auf SEQ ID 57 (Tabelle 2) und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid Teilsequenz SEQ ID 57.

2. bis 53. Ansprüche: 1-36 (alle teilweise)

Wie für Erfindung 1. aber bezogen auf die Nukleinsäuresequenzen SEQ IDs 4,6,10,12,15,17-24,27,29, 31,33-34,36,39,44-53,142 und 144-164, und den korrespondierenden Polypeptid(teil)-Sequenzen SEQ IDs 58-60, 64,66-67,70-71,73-83,86,87,89-90,92,94,101-141,143 und 165-199 sowie in Tabelle 2 beschrieben.

54. bis 58. Ansprüche: 3,5-19,23-26,29-33 (alle teilweise)

Nukleinsäuresequenz sich respektiv beziehend auf SEQ IDs 7,13,26,37 oder 40, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Korrespondierende Polypeptidsequenz(en) sowie in Tabelle II beschrieben und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine dieser Sequenzen.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen PCT/DE 99/00721

WEITERE ANGABEN	PCT/ISA/ 210
Fortsetzung von Feld 1.2	
Ansprüche Nr.: 34-36	
<p>Die geltende Patentansprüche 34 bis 36 beziehen sich auf eine unverhältnismäßig große Zahl möglicher Produkte, welche sich weder im Sinne von Art. 6 PCT auf die Beschreibung stützen und/oder noch im Sinne von Art. 5 PCT als in der Patentanmeldung offenbart gelten können. Im vorliegenden Fall fehlt den Patentansprüchen die entsprechende Stütze und fehlt der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Daher wurde keine Recherche für besagte Produkte und deren Verwendungen ausgeführt.</p> <p>Der Anmelder wird darauf hingewiesen, daß Patentansprüche, oder Teile von Patentansprüchen, auf Erfindungen, für die kein internationaler Recherchenbericht erstellt wurde, normalerweise nicht Gegenstand einer internationalen vorläufigen Prüfung sein können (Regel 66.1(e) PCT). In seiner Eigenschaft als mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde wird das EPA also in der Regel keine vorläufige Prüfung für Gegenstände durchführen, zu denen keine Recherche vorliegt. Dies gilt auch für den Fall, daß die Patentansprüche nach Erhalt des internationalen Recherchenberichtes geändert wurden (Art. 19 PCT), oder für den Fall, daß der Anmelder im Zuge des Verfahrens gemäß Kapitel II PCT neue Patentanprüche vorlegt.</p>	

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichungen, die zur seinen Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/00721

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie		Datum der Veröffentlichung
WO 9736535 A	09-10-1997	US	5861248 A	19-01-1999
		AU	713610 B	09-12-1999
		AU	2601797 A	22-10-1997
		EP	0904405 A	31-03-1999

WO 9804689 A	05-02-1998	AU	6642996 A	20-02-1998
		EP	0951541 A	27-10-1999
		US	5882864 A	16-03-1999

US 5843665 A	01-12-1998	US	5981232 A	09-11-1999

WO 9842738 A	01-10-1998	AU	6564698 A	12-10-1998
		EP	0970110 A	12-01-2000
		AU	6562798 A	20-10-1998
		AU	8768498 A	01-03-1999
		WO	9907891 A	18-02-1999
		AU	9679898 A	27-04-1999
		WO	9918208 A	15-04-1999

WO 9953040 A	21-10-1999	DE	19817557 A	21-10-1999
